Figure 1   1/74

```
                        1                                                  50
HCV-1      1a  ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG
HCV-J      1b  --------A------------------G-----C----------------
HCG9       1c  -----------------------------G-----C----------------
BNL1       1d  -----------------------------G-----C----------------
BNL2       1d  -----------------------------G-----C----------------
CAM1078    1e  -----------------------------G-----C---A-A----------
FR2        1f  -----------------------------G-----C-----C---------

HC-J6      2a  --------A------------------G-----C---A-A---------
HC-J8      2b  --------A------------------G-----C---A-A-----A----
S83        2c  --------A------------------G-----C---A-A-----T----
NE92       2d  --------A------------------G-----C---A-A-----T----
FR4        2f  --------A------------------G-----CT---A-A-----T----
BNL4       2e  --------A------------------G-----C---A-A--T-----
BNL5       2h  --------A------------------G-----C---A-A-----T-----

NZL1       3a  -------ACT------------------G-----C---A-A-------T---
HCV-TR     3b  -------ACT------------------G-C---C---A-A-----ACT---
NE48       3c  -------ACT---A-----C----G-----C---A-A-------T---
NE274      3d  -------ACT---A-----C----G-----C---A-A-------T---
NE145      3e  -------ACT---A-----C----G-----C---A-A------GT---
NE125      3f  -------ATT------------------G-C--CC----A-A-----ACC---

Z4         4a  -----------------------------G-----C----------------
Z1         4b  --------A------------------G-----C----------------
GB358      4c  -----------------------------G-----C----------------
DK13       4d  -----------------------------G-----C----------------
GB809      4e  ------------------------T-----G-----C----------------
BNL7       4k  -----------------------------G-----C----------------

BE95       5a  -----------------------------G-----C---A-A----------

HK2        6a  --------ACT---A-----C----G-----C---A-A----------

FR1        7a  --------ACT---A-----C----G-----C---A-A--T--T-----

VN4        8a  --------ACT---A-----C----G-----C---A-A-------T---
VN13       8b  --------ACT------------------G-----C---A----------

VN12       9a  --------ACT---A-----C----G-----C---A-A-----A-----

NE98      10a  --------ACT----------A----G-----C---A-A---------N
```
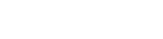
Figure 1 -continued   2/74

```
               51                                                  100
HCV-1     1a   TCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG
HCV-J     1b   C-----------------T----------C--T------------------
HC-G9     1c   C-----------------T--------------C------------C---
BNL1      1d   C-----T--K-GS--NNNNNNN----------------------------
BNL2      1d   C------------------N-----------T------------------
CAM1078   1e   C---------------------------C--T--C---------------
FR2       1f   C----------------T--A----------G--G--------G------

HC-J6     2a   ----------A-----T-----T-----C-----C-----------C---
HC-J8     2b   C----------------T----------------------------C---
S83       2c   C---------------------------C--T--C-----------C---
NE92      2d   C---------------------------C--T--C---------------
FR4       2f   ----------------T-----------C-----C-----------C---
BNL3      2e   C---------------------------C-----C-----------C---
BNL5      2h   C----------------T----------C--T--C-----------C---

NZL1      3a   -------------------------------------A------------
HCV-TR    3b   ----------A----T------------C-----A---------------
NE48      3c   ---------------------------C----------------------
NE274     3d   ----------------T----------C-----C----------------
NE145     3e   ------G--A----T------------C-----C----------------
NE125     3f   C---------------------------C--T--G---------------

Z4        4a   C-----CAT------A------------T--C-----------C-----
Z1        4b   ------CAT---T--G--A---------C-----C---------C-----
GB358     4c   C-----CAT-----T------------C--T--C---------C-----
DK13      4d   C------AT-----T------------C-----C---------C-----
GB809     4e   C-----CAT-----T------------T--C---------C-----
BNL7      4k   C-----CAT-----T------------T--C---------C-----

BE95      5a   ---------------------------C--T-----------C-----

HK2       6a   -------AC-------------------------------------C-----

FR1       7a   ------TAT-----------------C-----C----------------

VN4       8a   C-----------------------------------C-------------
VN13      8b   --------------------------------------------------

VN12      9a   -------AT---T--------------C----------------------

NE98      10a  C--G-----------T--------A--C----------------------
```

3/74

Figure 1 - continued

```
                        101                                              150
   HCV-1    1a  TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA
   HCV-J    1b  -----C-------------------------C--G----------------T--G
   HC-G9    1c  -------------------------------C---G----------------G
   BNL1     1d  -----C-------------------------C--GNN---------------T--G
   BNL2     1d  -----C-------------------------C--G----------------C--G
   CAM1078  1e  -C---G--C-A-----------------------------------AG--C-G
   FR2      1f  -------------------------------C--G----------------G

   HC-J6    2a  -A-----------------------------C--G--------------A--G
   HC-J8    2b  --------------C----------------C--G--------------A--G
   S83      2c  -A------------C----------------G-------------------G
   NE92     2d  -A----------------------------CC-G-----------------G
   FR4      2f  -------------------------------C--G--------------C-A--G
   BNL3     2e  -------------------------------C---------------------
   BNL5     2h  -A----------------------------CC-G-----------------G

   NZL1     3a  -A---G------------------------AC--------------------C-T
   HCV-TR   3b  -A--TG--C-------T--------AC----------------AGTAC-T
   NE48     3c  -A---G------------------------CT-----------------T--AC-T
   NE274    3d  -C-----AC---------------------A------------------AGTTC-T
   NE145    3e  -A----------------------------AC-----------------A--TC-T
   NE125    3f  -A---G-A----------------------AC-----------------AGT-C-T

   Z4       4a  ------------------------------C--G-----------------TC--
   Z1       4b  --------------C--------------CC-G----------------AG-TC-G
   GB358    4c  ------------------------------C--G----------------T--G
   DK13     4d  ------------------------------C--G----------------T--G
   GB809    4e  --------------------------------G-----------------TC-G
   BNL7     4k  ------------------------------C--G-----------------TC-G

   BE95     5a  ------------------------------GA-------------------TC-G

   HK2      6a  ------------------------------CC-G-------------------

   FR1      7a  ------------------------------C-T--------------------

   VN4      8a  -C------C--------------------GC-C--------------------
   VN13     8b  -----------------------------C-T---------------------G

   VN12     9a  -C---------A----------------AC-T---------------------G

   NE98    10a  -----G--C-A--A-------------CCAG-----------T--AGT-C-C
```

Figure 1 - continued   4/74

```
                151                                                 200
HCV-1    1a  AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA
HCV-J    1b  ------------------------------T--A--G--A--A----------
HC-G9    1c  ------------------------------C--G--G-----------T-----
BNL1     1d  -----------------A--------T--C--G--A---------------
BNL2     1d  ---------------------G----T-AC--G--A-------T--T--
CAM1078  1e  --------G-------------------T--G--G--C--A-----T-----
FR2      1f  ------------------------------C--A--G--A-----------

HC-J6    2a  -------G--------C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
HC-J8    2b  -------T-----A--C--G--G--T--AC----C-----C-----G--
S83      2c  --A-------A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--
NE92     2d  --A------------C--G--A--T--G--G--C-----C---------
FR4      2f  -------T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--
BNL3     2e  -------T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--
BNL5     2h  --A-------A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--

NZL1     3a  --A-----T--A-----A--G-----C--AC----A--------------
HCV-TR   3b  -------------------G-----CAAACAG-----C-T---------
NE48     3c  ----------------A--G-----C--CGC-G--G--------------
NE274    3d  --A-------------AG-----C--CAACC-G--G--------------
NE145    3e  -------A--------A-----C--C--AC-G--A--------T-----
NE125    3f  --AT-----------------------C--AC-G--G-------------

Z4       4a  -------G-------------------T--C--G-----A----------
Z1       4b  -------G--------A-------T--C--G-------------------
GB358    4c  -------G-------------------T--G------------------
DK13     4d  -------G-------------------T--G--G--C-------------
GB809    4e  -------G-------------------T--G--G--C--A----------
BNL7     4k  -------G-------------------T--G-----C--A----------

BE95     5a  -------G--A-----------C--T--AC-G-----------T-----

HK2      6a  -------------A--C--G--CA----C--G--C--A-----A--A--

FR1      7a  -----C-----A-----C--G---A----C--G--C-----C--A--A--

VN4      8a  -------T--A-----C--G--CA-------G--C--A--A--A-----
VN13     8b  --A-----T--A-----C--G--CA-G--------C--A-----A--G--

VN12     9a  -------G--A-----C--GG-CA-------G--C--A--A--A-----

NE98     10a ------------------------CA----G--C--A--C------G
```

Figure 1 - continued   5/74

```
                      201                                                250
HCV-1       1a  GGCTCGTCGGCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGC
HCV-J       1b  ------C-----------T-------------------------------
HC-G9       1c  ---C--C--A--------A---T--------G------------------
BNL1        1d  ------Y---Y----------T-------------------T--------
BNL2        1d  ------C-A-T----T-----NN-------------A---C-T--C----
CAM1078     1e  --AG--C--A-----------T
FR2         1f  ------C--A-----------T-------------T--------A----

HC-J6       2a  --A---G--CT--ACT----AAT-------GAA-A--A--A-----C----
HC-J8       2b  A-A---G--CT--ACC----A-T-------GAA----A--A--T------
S83         2c  A-A---G--CA--ACT----A-T-------GAAG---A--A--------
NE92        2d  A-A---G--C---ACT----A-T-------GAA-A--A--A---------
FR4         2f  A-A---G--CG--ACT----A-T-------GA-GT--A--A---------
BNL3        2e  A-A---GN-NG--ACT------T-------GA-GT--A--A--T--C----
BNL5        2h  A-A---G--CT--ACT----AAT-------GA-GT--A--A---------

NZL1        3a  ---G-------AG---A---C--T--------------------------
HCV-TR      3b  ------CTC--G-------C--T---------------------------
NE48        3c  ---G-----TGG------AC--T--------G------------------
NE274       3d  ---A-------AG-------C--T-------T------------------
NE145       3e  ---A--C-C-AG--GA--AC--T-------G-----T--------C----
NE125       3f  ---A--C--AAG-----C--T-------C-----T--------------

Z4          4a  ---G--C-A---A--------AT-------G-------------------
Z1          4b  ---G--C---T----------T---------------------------
GB358       4c  ---A-----AT-T-----A---T---------------------------A----
DK13        4d  ---G--C-AA-T------T---T--------------T-----T--------
GB809       4e  ---G--C--AT----------AT-------G------------T--------
BNL7        4k  ---G-----AT-------A---T-------A-----A--A--T--A----

BE95        5a  ---G--C-A----AC-----C--T------G---A---------------

HK2         6a  ---G--C-A----C--------CA-------------A-----------

FR1         7a  --TA--C-A---GACA---C-T-G-----G---A-----C----------

VN4         8a  A-TG--C-AC-AAAC----C-T--------C-------------C----
VN13        8b  --TG----AC-AAAC----C-T----------A----------C----

VN12        9a  --TG--C-A-AA-C-A---C-A--------------T--------C----

NE98        10a ---G--C--AA-----------T----------------------------
```

Figure 1- continued

```
                    251                                              300
HCV-1      1a   CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC
HCV-J      1b   --------------C-----TATG--------A--------------A---
HC-G9      1c   --------------C---------T------------------C---
BNL1       1d   ------------------------------------N-----------C---
BNL2       1d   ----------------------------A-------------------C---
FR2        1f   ---------CT--C-------------A--------------------C--T

HC-J6      2a   ----A--C--G---------ACT---C-----A-----------C---
HC-J8      2b   ----G--C--A--C------T-----C--------T----------C---
S83        2c   ----G-----G---------CT---C-----A--G----------C---
NE92       2d   ----G--C--G---------CT---C-----A--G----------C---
FR4        2f   ----G--C--G--C------CT---C-----A--G----------C---
BNL3       2e   ----G-----G--C------GCT---C-----A-----------C---
BNL5       2h   ----G-----G--C------CTT--T-----A---------T----C--T

NZL1       3a   -----------T--C--------------------A--G----------C--A
HCV-TR     3b   --------C--G---A--------T----T---A----------T----C---
NE48       3c   --------C--T---------------T------------------C---
NE274      3d   -T--T-------------------T------A----------T----C---
NE145      3e   -----------T--C--------------------A--G-----T--------T
NE125      3f   -----------G----------------T--------A------------

Z4         4a   ----------------------------------A--G----------------T
Z1         4b   ----T--C------------------T--------A--G------------C---
GB358      4c   -T--T--C--T-------T--------------------------A--T
DK13       4d   ----T--C----------------------------------A---
GB809      4e   ----T--C------------------T--------A--G----------C--T
BNL7       4k   -T--T--C--T-------T----------ANN-------T----C---

BE95       5a   ----T--C-C----------CT----------A--G-----G--C--C--T

HK2        6a   -T--T-----A--C-----------T--------A--T----------C---

FR1        7a   ----T--------------C----------A------------------C---

VN4        8a   -T--T-----A------------T--T-----A--C-----------C---
VN13       8b   -T--T-----G---------T--T--C-----A--G-----------C---

VN12       9a   ----T-----G--C------------C-------G------T----C---

NE98       10a  ----A-----G------------------------A--G-----------C--G
```

Figure 1 - continued

```
                            301                                                   350
HCV-1      1a  CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG
HCV-J      1b  --------------------T-----------------------------
HC-G9      1c  --C---------------T--------TT-T----------G-----A--
BNL1       1d  --C-------
BNL2       1d  --C-------
FR2        1f  --C-----C--T---------------AT---------A-----A--A--

HC-J6      2a  --A--T--C--T--CTCT---------AT---------A-----C--
HC-J8      2b  --C--G-----T----CT----------C---------A---A--A--
S83        2c  --C--T-----C---TCA----------C---------A--AA-----
NE92       2d  --A--G-----C--GTCA--------A--T--------AC-----A--
FR4        2f  --G--------C--CTCG--------A-AC--------AC-----A--
BNL3       2e  --A-------
BNL5       2h  --A-------

NZL1       3a  --C-----C--T--ATC---------A-AT----------G-----C--
HCV-TR     3b  -----T-----C-----T--------A-AT-----------A--C--
NE48       3c  --C--T--------G-----------A-AT----------A--A--C--
NE274      3d  --C---------ATCT---------AT---------A-----T--
NE145      3e  --C-----C--A--G--T----------AC--------A-----C--
NE125      3f  --------C--C-----T--------A-AT-----------A--A--

Z4         4a  --C---------ATCT------A-AT--T--------G--A-----
Z1         4b  --C--T--CA----GTCT---------AT--T-------------C--
GB358      4c  ----------A--GTCT--------A-AT--T--------A-----C--
DK13       4d  -----------GTCT--------G-AT--T--------G-----C--
GB809      4e  --C--G--------GTCT--------T-AT--T--------G-----C--
BNL7       4k  --C--T-----

BE95       5a  --A-------------AT----------AT-----------A-AA-----

HK2        6a  --C-----C-----ACAT---------AT-----------C-A--C--

FR1        7a  --C--G-----T----AT---------AC----------A-----C--

VN4        8a  --C--------C--A-AT--------A-AC----------G-----C--
VN13       8b  -NC--------C----AT--------T-AT------ --N-G-----C--

VN12       9a  --------------C--GGA------N----AT--------N-G-----C--

NE98       10a --C-------
```

Figure 1 - continued

```
                            351                                                400
        HCV-1       1a   CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA
        HCV-J       1b   T----------------------------------A----------------
        HC-G9       1c   ----------------------------------C-----T----------
        FR2         1f   ----------------------------------A-----T----------T----

        HC-J6       2a   ---CG-----------------------------A-----------T----------
        HC-J8       2b   ---------C-GA--------------A--------T--T--T----------
        S83         2c   ---C----------------------A--------T--T----------
        NE92        2d   ---C-----------------------------T-----T----------
        FR4         2f   ---C----------------------------C-----T-----T-S----------
        BNL3        2e                            --------N-NT----------

        NZL1        3a   ----------------A-----------------A----------A------------
        HCV-TR      3b   ---C--T--------------------------A-----T--A------------
        NE48        3c   --------------------------------A-----G------------
        NE274       3d   ---CC--------A-------------------A---------A---------T----
        NE145       3e   ------------------------C--T--C--A-----G---------T----
        NE125       3f   ---C-------------------------C-----T--A---------T----

        Z4          4a   ----C---------------------------G------------------
        Z1          4b   T---C------A--------------------G-----T------------
        GB358       4c   ---C----------------------------A--C---------T------------
        DK13        4d   ---C----------------------------A--T------------
        GB809       4e   ---CC---------------------------A--A------------

        BE95        5a   T-------------------------------A---------A---------T----

        HK2         6a   G-------------------------------A-----T--G---------T----

        FR1         7a   ---C-----------------------------A-N---NC-A----------

        VN4         8a   ---C--------A-------C----------T------------------
        VN13        8b   ---CC-------------------------T--N--S------------

        VN12        9a   ---CC-----------------C-----C--T-----------------
```

Figure 1 - continued

```
                    401                                              450
HCV-1      1a  TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC
HCV-J      1b  -----------T-----T-----------C--A--G----------------
HC-G9      1c  -----------C----------------T-----A--G-----------A--T
FR2        1f  -----------T----------------C--A--G------T----AA--

HC-J6      2a  -----------C--TG----A---------G--C--C----TC-----A--T
HC-J8      2b  -----------C--TG----T---------GG---------TC-----A--T
S83        2c  -----------CG----T-----T--CG----C----T------A---
NE92       2d  -----------C--TG-----------AG----T--T-TC-----A--T
FR4        2f  -------------TG-------------G-G--C----T------A---
BNL3       2e  ----------N--CG-T----------GG-G--C--G-TN---------

NZL1       3a  -----------C----------------T---G-A-------TC--A--A---
HCV-TR     3b  -----------T----------------G-G--G----TC--A--A---
NE48       3c  -----------T----------------CG-G--G----T---A------
NE274      3d  -----------T----------------T---G-A--G----TC--A--A--T
NE145      3e  -------T--T----------------T--GG-A-------TC--G------
NE125      3f  -------T----------T--T-----CG-A--G----TC--A------

Z4         4a  ----A-----C---A----G--------CG-G--G----TC--------T
Z1         4b  ----A-----T--------A---------G-G--T----TC---------
GB358      4c  ----A-----C--------A--------CG-G--T----TC---------
DK13       4d  ----A-----C---G----A--------CG-G--T----TC-----A---
GB809      4e  ----A-----C-----T--A--------CG-G--T----TC-----A---

BE95       5a  -------T--C--------A----G---CA----G----TC--A-----T

HK2        6a  -----------T--CG----G-----G---T-G--C----TC--GGCT--G

FR1        7a  -----------C--TG--C-A--A-GG--G-----C----T---GGCT---

VN4        8a  -------T--C--TG----A-----T--GW-G-------TC--GGN----
VN13       8b  -A-A------T--

VN12       9a  ---A-----C--TG----T--------C----------T---GGC--AA
```

Figure 1 - continued

```
                    451                                                500
HCV-1     1a  CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACTATGCAACAGG
HCV-J     1b  -----A-----T---------------G----------------------
HC-G9     1c  -----A-----T--TA-A--C-------------------T--C------
BNL1      1d                             ----------------------
BNL2      1d                             ----------------------
FR2       1f  ---N-A-----T--------C----N--G-----------TNNNNNNNNNNNN

HC-J6     2a  --C-----------GA-A--C-----G-----G--T--T-T---------
HC-J8     2b  -----A--C--T--TA---C-----G-----GA-A--T--C--------
S83       2c  --C--C----G--GA----------G-----GA-A--T--------G--
NE92      2d  --C-----------GA-A-------------GA-A---------------
BNL3      2e  --C---N-------G-----C-----G-----GA-A--T----N-----
FR4       2f  --C-----------G-----C-----G-----GA-A--T----------
BNL4      2g                                -----G--A--T----------
BNL5      2h                                -----GA-A-----C--------
BNL6      2i                                ---.--GA-A--------------

NZL1      3a  --C-----------GA---CC--T--------GA-A--T-TC--------
HCV-TR    3b  --C--T-----T--GA---CA--T-GG-----A-----------------
NE48      3c  --C-----------GA---C---T--G-----GA-T----TC--------
NE274     3d  --C--A-----T--GA-A-CC--T--G-----AA-A--T-TC--------
NE145     3e  --C--A--C--G--AA---C---C--G-----AA-A--T-T---------
NE125     3f  --A--A-----T--GA---C---T--G-----AA-A-----T--------

Z4        4a  --------------A---C-G----G-----GA-T---------------
Z1        4b  --------------A---CCG----G-----AA-T-----C---------
GB358     4c  -----A--C--T--TA---C-G----G-----GA-C--T-----G-----
DK13      4d  --------------A--C-------G-----G--C--T------------
GB809     4e  -----A--C--T--TA---C-G----------GA-C-----C--------
BNL7      4k                                -----GA-C--T-T----------
BNL8      4k                                -----GA-C--T------------
BNL9      4k                                -----GA-T--T------------
BNL10     4k                                -----GA-C--T------------
BNL11     4k                                -----GA-T--T------------
BNL12     4l                                -----GA-C--T------------

BE95      5a  --C--A--C--T--GA----C--T--G-----G--A--------------

HK2       6a  --C--A--------GA---CAA-C--G-----GA-C--T-----------

FR1       7a  --------------TA---CAA-C--G-----G--C--T--C--------

VN4       8a  T----------G---AN--NCA-C--G-----N--A--T--C------N

VN12      9a  ----NA-----T---A---CCA-C--G-----GA-A--------------

NE98      10a                               -----AA-T--T-TC--------
```

Figure 1 -continued

```
                      501                                                         550
HCV-1      la  GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT
HCV-J      lb  ---T--G--C---------------------------CT-A--TT----G----
HC-G9      lc  ------C--C---------------T----------T-G--C--T--T--A--C-
BNL1       ld  ----T-G--C---------------------------CT----TT----G--C-
BNL2       ld  ---TT-G------------------------------CT-A--TT-T--G--C-
FR2        lf  N--------N--------------NN----------CT----NT-A-------

HC-J6      2a  ----T-A--C---------C--T--------------T-G-----------G--C-
HC-J8      2b  ---TT-A--C---------------T---------TT-G--T--T--T--G--A-
S83        2c  ---TT-G--C-----------------------T--CT-------CT-G----
NE92       2d  ----T-G--C---------C--T--------------T-AT----------A----
BNL3       2e  ------C------------C--T-----------TNGT----T--T--G----
FR4        2f  ----T-G--C---------C--T--------------T-G-----T--CT-G----
BNL4       2g  ---T--G-----------------------------T-GT----T--T--G----
BNL5       2h  ---T--G--C---------C--T--------------T-G------T----A--C-
BNL6       2i  ------G------------C--T--------------T-A-----------T----

NZL1       3a  ----T-G--C---------C--T-----------------T--T---T-----
HCV-TR     3b  ---T---------------C--T-----T-----C--C--T--CT----C-
NE48       3c  ---TT-A------------C--T--------------T-G--T--T--CT----A-
NE274      3d  ---TT-A--C--------------------------T-G--T--TT--------
NE145      3e  --------C-------------------T--------T-G--T--T-----G--A-
NE125      3f  ---TT-G--C---------C--T-----------------T--T--CT----A-

Z4         4a  ---T-----C--------------------------T----A--T--T--G-
Z1         4b  ------------------------------------T-----T--A--T-----G-
GB358      4c  ---T-----C--------------------------T-CT----A--T--T--G-
DK13       4d  ---T-----C--------------------------CT----A---------G-
GB809      4e  ---T--C--C---------C--T--------------CT----A--T-----G-
BNL7       4k  ------C--C---------C--T--------------CT----A--C-----G-
BNL8       4k  ---------C-----------T--------------CT----A--C-----G-
BNL9       4k  ---T-----C---------C--T--------------CT----A--T-----G-
BNL10      4k  ---TA----C---------Y--T--------------Y----A--T-----G-
BNL11      4k  ---Y--C--C-----------T--------------CT----A--T-----G-
BNL12      4l  ------C--C--------------------------A-C-----A--T-----G-

BE95       5a  ---TT-A--C--------------------------TA----T--T--T-----G-

HK2        6a  ---T--C--C--------------------------T----A--A-----G-

FR1        7a  ---T---------------C--T--------------CT-A--A---T-A--G-

VN4        8a  ---T-----C--NN-----N---------N--CT----A--T-----G-

VN12       9a  ---T---------------------------------WCT----A--T-----G-

NE98      10a  ---TT-A----------------------------------TT--T----A-
```

Figure 1 - continued

```
                            551                                              600
       HCV-1      1a  GCTTGACTGTGCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
       HCV-J      1b  -T-----CA-C--A-----C--T---G-G----------GTGT-C---A-A
       HC-G9      1c  --C-----A--C--T---------GT-GG------------TT-----G-G
       BNL1       1d  -------G--T--AA-KA-C--TC--G-G----------G-AT-C---G-G
       BNL2       1d  -------G--T--AA--A-C--TC-TG-G----------G-AT-C---G-A
       FR2        1f  --C-C--A--C---A-C--T-----TG-G----A-G-A-A--C-ATGGC

       HC-J6      2a  --A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
       HC-J8      2b  --G-C--A-----A-TG--T--AGTGG----CA-G---ATT-GTTCTAGC
       S83        2c  --A-CT-------A-T---C---GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
       NE92       2d  -TA-C--------G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A---GCA-CTC-
       BNL3       2e  -TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA---GTCA-GCC
       FR4        2f  -TA-C--C-------TG--T---ATA-G--TAAG---AA--GCCACT-C
       BNL4       2g  -TG-C--C-----T-TC--T---GTG--G--TAAG---A---GTACCA-G
       BNL5       2h  -TC-C--------G--G--C--TGTG--G--CAAG---A---GCCACTC-
       BNL6       2i  --A-C--C-----G-TC--T---GTG------TGCG---CG--GT--TTC-

       NZL1       3a  ----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
       HCV-TR     3b  --------TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
       NE48       3c  -----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
       NE274      3d  -----GTCTGT--T---G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
       NE145      3e  -----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T------G-AT-C--T--C
       NE125      3f  -----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A

       Z4         4a  --C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT----CA-C
       Z1         4b  --C----AACA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT----CG-C
       GB358      4c  --C-------T---A-C------GT-A-CTAT-----TG--T----CA-C
       DK13       4d  --C-------T-------------A-CTAT------AG-T----TG-C
       GB809      4e  --C-C-----T-----G----G-GTTA-CTAT-----TG-TT----CG--
       BNL7       4k  --C-------C-----------AT-A-CTAT-----TGT-T----CA--
       BNL8       4k  --C-------T-----------ATTA-CTAC------A--T----CA-C
       BNL9       4k  --C-------C-----------ATTA-CTAC-A----A--T----CA-C
       BNL10      4k  -TC-------C-----------ACTA-CTAT------GT-T----CA-C
       BNL11      4k  --C-------C-----------AC-A-CTAC-----TGT-T----CA--
       BNL12      4l  --C-------C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T----CA--

       BE95       5a  -TC-----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--

       HK2        6a  --C-C--AAC---A--------TCTTACCTACG---------GT-----A

       FR1        7a  --C-C---ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C

       VN4        8a  --C-T--AACA--A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G

       VN12       9a  --C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G

       NE98      10a  ------CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C
```

Figure 1 - continued

```
                          601                                              650
HCV-1     1a  TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC
HCV-J     1b  -----T-----G--C--C---T-C-----A------------T-----A--
HC-G9     1c  -----T-----------------C--TG--TCCG-----------A---A
BNL1      1d  --T--T--------C--C--TT-C--------C--CA-C--T---AT--A
BNL2      1d  --T--TC---------C--TT-C--------C--CA-C--T---AT-AG
FR2       1f  -----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA

HC-J6     2a  ---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA
HC-J8     2b  ---T---C---T---------T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-
S83       2c  ---ATGCCG-----C-------T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A
NE92      2d  ---ATG--A--------C----AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL3      2e  --TATG-CA-----C--C---T-C--AAC--C--C--A-GGC-ATT--N
FR4       2f  ---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL4      2g  ---ATG-CA--------C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA
BNL5      2h  --TATG--G---------T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA
BNL6      2i  ---ATG--G-----------T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A

NZL1      3a  ---GT-C-T-----C--C--TT-C--TAGC-----------T-----C-A
HCV-TR    3b  --TGTGC-T-----C--C---T----TGG---C------------C-A
NE48      3c  ---ATAC-----------C--TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A
NE274     3d  ---GTGC-------C--C---T-----GGC-----C-----T-----CC-
NE145     3e  ---ATGC-------C--T-A---AGC--C--A--A-T-------A
NE125     3f  ---ATAC-T-----C--C---T----AGC--C--C-----T-------T-A

Z4        4a  --T---A------------T--G--T--C-----A--C-T--A--T-A
Z1        4b  --T--T-----------------A-C--C--A---------A---A
GB358     4c  --T---A--------C----G--------C--A-----------A-C-A
DK13      4d  -----T--------C----G--------C--A--C--T--AA-C-A
GB809     4e  --T---A--------C--C-----G--TG----C--A---------A-C-A
BNL7      4k  ---T-T-----------------G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL8      4k  ----------------C----G--------C--A--T--T-----C-A
BNL9      4k  --T--TA-----C--C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL10     4k  -----T-----------C----G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL11     4k  -----T-----------C----G--T--A--C--A----TT-----C-A
BNL12     41  --------------C--C-----G-----C--C--A-----T--T-C-A

BE95      5a  --T--T--T--------------A-----TTCC--A--C--T-----A-A

HK2       6a  -----TC----A------------C-----C--C--C---CTG------A

FR1       7a  -----TC-T--------C---T-G---AAC--C--C--T-TT------A

VN4       8a  -----TC-------C--C-----C---AGC--C--C--T--T------A

VN12      9a  --T--TC-A--------C-----C--TAGC--C--------T-----AA

NE98      10a ---ATG--A--T--C--C---AG----GGT-----C-----T-----C-G
```

Figure 1 - continued   14/74

```
                     651                                                    700
HCV-1      1a  CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTGCGTCCCTTGCGTTCGTGAGGGCA
HCV-J      1b  G--CATG---A-------C--C---------G--C-----C--G---A-T-
HC-G9      1c  GA-CCTG---A----TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-------
BNL1       1d  --G-ATG---A-----TAC--A---------G--C--------G----AT-
BNL2       1d  T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C--------G---AA--
FR2        1f  G--CAT------T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----

HC-J6      2a  G-C---TG----C---GTC--C-----------G----AGAAA-T---G-
HC-J8      2b  T--C--AG-T--C--TCT---T--A---------A--T-AGAA---TAATG
S83        2c  A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----------T-AG---ACC-C--
NE92       2d  G-----TG-T--T---GTC--C-----T--------T-AGGAGA------
BNL3       2e  G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C----AGAA-AGCTC-G
FR4        2f  G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-
BNL4       2g  G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC------
BNL5       2h  G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-
BNL6       2i  G--G---G----T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--

NZL1       3a  T----T---T---------A--C-C--T--A-----T--C-AG--C----
HCV-TR     3b  A----TG---T-----TTA--C-A-----G--C-----CACAACC----
NE48       3c  -C---T----T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-
NE274      3d  T--A-T----T-----TTG--A--T--T--G--C-------AATCA----
NE145      3e  A----TG----------TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C----
NE125      3f  TA---T-----------TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-

Z4         4a  -C--CA------A---TTG-----------A--C--T--GATGACT--G-
Z1         4b  GC-CCA----A-----TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-
GB358      4c  GC-CCA------A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-
DK13       4d  TT-CCA----T-A--CTC-----A-----T--------GA-G--A--G-
GB809      4e  -A--CA----T-A--CTC--A-------A--C--T--GAAGACC--G-
BNL7       4k  -C--CA----T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A------G-
BNL8       4k  -C-CCA----T-----CT---A--T-----G--C-----GA-AACT--G-
BNL9       4k  -C--CA----T----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL10      4k  -C--CA----T-AGCACT---A--T-----G--C-----GA-A-T---G-
BNL11      4k  -C--CA----T-----CT---A--A-----G--C-----GAAA-----A-
BNL12      41  -C--CA----T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-

BE95       5a  TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-

HK2        6a  T-C-ATG---T----TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG

FR1        7a  GACCATG--A-----TCT---A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-

VN4        8a  GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--

VN12       9a  T-GCATG--------TCTC-----T--------C-----GAAGACC----

NE98      10a  G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----
```

Figure 1 continued

```
                        701                                                 750
        HCV-1     1a ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT
        HCV-J     1b -TTT---CC-T--C-----A---C-C--T--C---C-C--GG-----A-C
        HC-G9     1c ------------------CT-CC-T-GT--C--C---A---G--------
        BNL1      1d --CATCTCC-C--C---A-----C-C------C---C-T--GGT--AAA-Y
        BNL2      1d --T-T--TC-T--C---A--C-RC-C------C---C-T--GGT--AA--C
        FR2       1f -TAT---CC-T--C-----AC--C-C------C---C-C--AG-GC--ATC

        HC-J6     2a -TA-A--TC-----C---A-AC--G-CT-A--G-AT------GTGCA-C-G
        HC-J8     2b G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C
        S83       2c ---T---TC-A---------C--G-TG----C-ATC-C----TA--TC-A
        NE92      2d --ATA--CC-C------A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A
        BNL3      2e GTCGG-TCCAC------A-CC----CT-G--C-ACA-A---GTG--CA-A
        FR4       2f -TAGGA-CTTC------ACA---G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA
        BNL4      2g -TAAG--CC----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G
        BNL5      2h -TCAG--TC-C--C---A-AC-TG----A--C-AT------GTG--CC-A
        BNL6      2i --A----CC-C--C---A-AC--G-C-------ACA-C--TGTG--CC-A

        NZL1      3a -TA-A--T-C---C---ACCC-AG----A-----A-----AGT----T-C
        HCV-TR    3b --CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G--------GTT---ACC
        NE48      3c --A--A---C--C---A-AC--G----T--G--A-----GGT---TC-C
        NE274     3d --T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C
        NE145     3e --A-A---GA---C---ACCC--GC---A--A--------AGT---AT-C
        NE125     3f --CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--

        Z4        4a --A-A---C-T--C---AC-C--G----G-----A-----TGT-GCAC-C
        Z1        4b -TA-T--TC-C--C------C-CT-------C--T------G-GCCCT--
        GB358     4c -TCAG--AC-C--C--------CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C
        DK13      4d --AAG--T-CA--C-------T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--
        GB809     4e --CAG---C-------------CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C
        BNL7      4k -TCAG--AC-T--C-----A--CC-T--------C--C--AG-GCCAT-C
        BNL8      4k -TCAG--AC-T--C-------CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C
        BNL9      4k -TCAG-----T--C-------CC-T--------CA-C--AG-GCCAT-C
        BNL10     4k --CAG--AC-C--C-------CC-T--------C--C--AG-GCCAT-C
        BNL11     4k -TCAT--AC-C--C-------CC-T--------C--C--AG-GCCAT-C
        BNL12     41 --A-T---C-C--C-------CT-A--A-----C------G-GCCCATA

        BE95      5a -T-TGAGT--A--C-----CCAA--T--------AC- -T-AG--CC-AGC

        HK2       6a -TCGG--C-CC------CAT--TG-------C--CC-----TACCAA--

        FR1       7a -T-AG--AC-A------C-CC-TG-CT----C--CT-A---GT-CCCA-C

        VN4       8a -TCAA--CC----C------CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C

        VN12      9a --CTGA-C-A-------C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--

        NE99     10a -TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG
```

Figure 1 - continued

```
                        751                                                 800
         HCV-1     1a  GGCAAACTCCCCGCGACGCAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCGG
         HCV-J     1b  A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T----C--T--
         HC-G9     1c  TCGCGCG------TC-GTG--G----G----GTG----CTC-A-------
         BNL1      1d  -CT-GTG-----A-TR--GCAA-C---------G----CT-------T--
         BNL2      1d  -CT--TG----TA-TG--GCAA-C-----C--TG----CT----G--T--
         FR2       1f  -CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G------G----C--C--C--G--

         HC-J6     2a  CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G----GAT
         HC-J8     2b  C--GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C--AAT
         S83       2c  CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA---------A-CA-C--GAT
         NE92      2d  CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C
         BNL3      2e  CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C--GAT
         FR4       2f  CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC------T---ACCA-C--GAT
         BNL4      2g  CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT
         BNL5      2h  CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C
         BNL6      2i  CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA------C

         NZL1      3a  -T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA----TG-G--C---AT-A--A--
         HCV-TR    3b  CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A----G--A--
         NE48      3c  -T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-------G--G--
         NE274     3d  -CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA----TG-G-------G--G--
         NE145     3e  -CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A---G-G---T----A-----
         NE125     3f  CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--

         Z4        4a  CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--
         Z1        4b  CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--
         GB358     4c  AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA----TG-G------A-G--A--
         DK13      4d  CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-------G-G------A-G--G--
         GB809     4e  -T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--
         BNL7      4k  AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA----TG-G--CT-A-G--G--
         BNL8      4k  AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT-G--GA----TG-G------A-G--G--
         BNL9      4k  AT-GGCGCA--GCTTGA-TCCT-G--GA----TG-G------A-G--G--
         BNL10     4k  AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA----TG-G------A-G--G--
         BNL11     4k  AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA----TG-G--G--A-G--G--
         BNL12     4l  CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G------A-G--G--

         BE95      5a  CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--

         HK2       6a  -CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--

         FR1       7a  TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C-A---G-A--C--C--C--T--

         VN4       8a  -CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--

         VN12      9a  -CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--

         NE98     10a  CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G--
```

Figure 1 - continued

```
                         801                                                 850
HCV-1     1a  GAGCGCCACCCTCTGTTCGGCCCTCTACGTGGGGGGACCTATGCGGGTCTG
HCV-J     1b  -GCG--TG-T---------C--TA-G-----T------T--C-----A--C-
HC-G9     1c  -GC---TG-GT----------TA-G--T--A---------------C--CA
BNL1      1d  -G-NN----GT-------C--TA-G--------R-----T---------
BNL2      1d  --CA---G-GT-TC----C--TA-G--------------C-----A--C-
FR2       1f  -GCA---GTGT----C--A---A-G---A-T--------T--T---GGC-

HC-J6     2a  -TC------G-----C--C--T--T---------------C-----TGGG-
HC-J8     2b  -GCA--T--GGC---C-------T-G--T-----A--TG-G------G-C-
S83       2c  -TCT--T--GG--------T-----T--T----------G-G--T--CG-GC
NE92      2d  ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-
BNL3      2e  -TC-----------C--T-----G--------A--TG-G------CG-A-
FR4       2f  -TC-----------C--T-----A---A-A-------------CG---
BNL4      2g  -GT---T--G---------T--A------A-C------G-G--T--CG-G-
BNL5      2h  -TCT--T---G----C--A--TT-G--T-----C---T-C-----CG-A-
BNL6      2i  -TC------GT----C--T---T-G--T-----

NZL1      3a  CGCG-----GA-G--C--T--G----------------T--TA-G--T---G---
HCV-TR    3b  CGCACGACAA--G---------G--G-----C------GCT-T----G---
NE48      3c  T-CG--T--AT-G---------A--T------C--T-----T------G-A-
NE274     3d  AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-
NE145     3e  C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T------G-C-
NE125     3f  TGCA-----G--G------A--A-----T--T--A--TT-G------G---

Z4        4a  CGCG-----TT-G-----T--------T--T--------C-----AGG--
Z1        4b  TGCG--T--TA-G-----C---T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-
GB358     4c  TGC---T--TGCG--C--C--T--T---A-C--A-----G-----TGGC-
DK13      4d  CG-------T-----C--C--------A-C--A--G-G--T---GG--
GB809     4e  TGCT------G-G--C--C----------C--C-----G-----TGGCT
BNL7      4k  -GC------TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT
BNL8      4k  -GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT
BNL9      4k  -GCG-----TG-------A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--
BNL10     4k  AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT
BNL11     4k  -GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT
BNL12     4l  TGCA--T-----A-CG--T-----------T--A-----C------GG--

BE95      5a  AG-G--TG-------C--C--GT-A-----A--A---GCG--T---G-AC

HK2       6a  CGC---AGTGG-T--C--AT----G---A-C--------G--T--C---C

FR1       7a  -GCA--GG-AT-T--------A-G---A-C--A-----C--T--TAGCA

VN4       8a  CGCT---G-GT-------A--TA-G--T-----------G------GGCC

VN12      9a  TGCT--TG-GT----C--T---A-G--------C---T-------TGGGC

NE98     10a  RGCG---------A--C--A--T--------A--A-----T--T--AG-GC
```

Figure 1 - continued

```
            851                                              900
HCV-1    1a  TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTCACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG
HCV-J    1b  -T------C---TC---G---------------A--TC-C--GT-TGA----
HC-G9    1c  ----C------T-----GA-C--------------------A---T------
BNL1     1d  ----C--C-CT-----G--A---------T--A---C-CATG---CAT--A
BNL2     1d  ----C----------G--A---------T--A---C-CTTGT--CAT--A
FR2      1f  ----C--C--T--G---T----------A-GT--C----G--T------

HC-J6    2a  -GA-G----CA-C---GA------TTG----G--ACA--A-------TTT
HC-J8    2b  -GA-GA--C-ATCG--GGCT----TGG-A--A--ACAA-----AACTTC
S83      2c  -GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT
NE92     2d  -GA-GT-G-CTTCT---G-C----T-A----G---CA--AT--TAA-TTT
BNL3     2e  -GA-GA-A-CT-CA--GGCT----T-G-GG-A--G-A------T-ACTTC
FR4      2f  -GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G----A--GCAATA---TACTTTT
BNL4     2g  -GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG----G--GCAA-AT---AACTTT
BNL5     2h  -GA-GT-G---TCT---T-T----TGA----C--TCA--A----ATCTTC

NZL1     3a  --------C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---
HCV-TR   3b  -G--------G--A---GC---------AGA--TC-C------AC---C
NE48     3c  -T--C--C--A--A---GCA-----A---AGA--C-A------CA---A
NE274    3d  ----CT-G--G--A--GGCT----------AGA--TC-T-AG---AAC---
NE145    3e  ----C-----G--G--GGCC--T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T
NE125    3f  -T--C-----G-------GC------T---AGAG-TC---AA--T-AT--C

Z4       4a  C---C--GA-G--G--GA--A----T--TCGG--GC-T----------C
Z1       4b  ----C--A--G-----G------GA----CGA--GC-C--G-------C
GB358    4c  -A---T-G--T--T--GA-----T-T---CAG--GC-----------T
DK13     4d  -G--CT-G-----T---------------CAA--TC-C---------C
GB809    4e  -A--CT-G--A------A-----------CAA--GC-A---------
BNL7     4k  -G--C--A-----T--GA-----T-T---CGA--A-----------T
BNL8     4k  -G--CT-G--T--T--GA----TT-T---CGA--AC-A--------T
BNL9     4k  CG--CT-G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC---------C
BNL10    4k  -G--CT-G--T--T--GA-----T-T--YCAG--TC---------T
BNL11    4k  -G--C--G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC---------T
BNL12    4l  C---C--A--G--G--GA---------CAG--GC-T----------T

BE95     5a  -A--CT-G--A------A----------ATAGG--TC-C-AG---GCT---

HK2      6a  -----T-G-CG--A-----A---------TCAG---C-C--T--T-----T

FR1      7a  -AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT

VN4      8a  -T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT

VN12     9a  -------C--T--G--GT-------G---AGA------ATGT-TGA--TC

NE98    10a  -A---------Y--G--GGG----T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

Figure 1 - continued

```
                  901                                               950
HCV-1      1a  ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
HCV-J      1b  GTA----A------------A-------------CG--T-A---------
HC-G9      1c  -------AC-----------C-------C--A-------G-G--A-----T--
BNL1       1d  -----G-AG-----C-----A---
BNL2       1d  --A--G-AG-----C-----A---
FR2        1f  GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C--------C-----

HC-J6      2a  GT-----AC------------C-----C--T--TACC--C--T--A-----
HC-J8      2b  --C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--
S83        2c  GTC--G-AA-----C--T--C--A--C-G----GC--T-----A-----
NE92       2d  GTC--G-AC-----C--T--C--A--C-A-----C--C--T--A--T--
BNL3       2e  GTC--G-AA-----------C--A--C--A-----C--T--A-----T--
FR4        2f  GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A--------C--A--A--T--
BNL4       2g  T-C--G-A---------T--C---
BNL5       2h  GTC--G-A------C-----G--A

NZL1       3a  GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A------C-TT-A--A--T--
HCV-TR     3b  GT---GACG-----C-----G--A--C--A------G-TT-A--A--T--
NE48       3c  GTT--GCA------C-----AC-G--C--A--T---G-TT-A-----T--
NE274      3d  GT---GACC----------AC-G--C--T--T--C---T-A--A---A-
NE145      3e  GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A--------C--A--A--T--
NE125      3f  GTC--GTTG----------AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T-A

Z4         4a  -----G-AG---------T--C-----CA-T---------C--C--C---A-
Z1         4b  --C--G-A------C-----C-----------T--T--CG-CT----C---A-
GB358      4c  -----G-AC---------T--C-----CG-G--G--CG-T-----C---A-
DK13       4d  --C-----AC---------T--C-----CA-A--A-----C--A--A---A-
GB809      4e  --C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
BNL7       4k  --T-----A---------T--C---
BNL8       4k  G-C--G-A---------T------
BNL9       4k  --C-----A------C-----C---
BNL10      4k  --C--G-A---------T--C---
BNL11      4k  --C--G-AA--------T--C---
BNL12      4l  GTC----AC-----C--T--C---

BE95       5a  GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT------G-T--C--C-----

HK2        6a  GT-----AC-----C-----C------A-A-----CG-C--C--C---A-

FR1        7a  --C--G-A---T--C-------NA-CN-T-----CG-C-----A---A-

VN4        8a  GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----

VN12       9a  G-C--G-AC----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----

NE98      10a  GTC--G-AC-----C--T--C---
```

Figure 1 -continued

```
                          951     957
        HCV-1       1a  CATGGCA
        HCV-J       1b  ------T
        HC-G9       1c  A-----T
        FR2         1f  NNNNNNN

        HC-J6       2a  ------G
        HC-J8       2b  -------
        S83         2c  ------T
        NE92        2d  G-----G
        BNL3        2e  ------G
        FR4         2f  A----NN

        NZL1        3a  A-----T
        HCV-TR      3b  T-----G
        NE48        3c  G-----T
        NE274       3d  G-----T
        NE145       3e  -------
        NE125       3f  T-----T

        Z4          4a  G-----G
        Z1          4b  G-----C
        GB358       4c  G------
        DK13        4d  A-----T
        GB809       4e  G-----T

        BE95        5a  G------

        HK2         6a  G-----T

        FR1         7a  G------

        VN4         8a  A------

        VN12        9a  G-----G
```

Figure 2

```
                                     1                                                    50
HCV1        1a      MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR
HCV-J       1b      --------R-T----------------------------------------
BNL1        1d      --------R-T---------XXXXX---------------------X-----
BNL2        1d      --------R-T-------------X---------------------------
CAM1078     1e      --------R-T----------------------------V----------A-
FR2         1f      --------R-T----------------------------------------

HCJ6        2a      --------R-T----------------------------------------
HCJ8        2b      --------R-T----------------------------------------
CH610       2c      --------R-T----------------------------------------
NE92        2d      --------R-T----------------------------------------
BNL3        2e      --------R-T----------------------------------------
FR4         2f      --------R-T--------------------------------------P-

HCVTR       3b      ---L----RQT----L----N---------------V------------V-

DK13        4d      --------R-T--------M--------------------------------
CAM600      4e      --------R-T--------M--------------------------------
GB809       4e      ------L-R-T--------M--------------------------------
BNL7        4k      --------R-T--------M--------------------------------

BE95        5a      --------R-T----------------------------------M-----

HK2         6a      ---L----R-T--------T-------------------------------

FR1         7a      ---L----R-T--------M-------------------------------

VN4         8a      ---L----R-T----I-----------------------------------
VN13        8b      ---L----R-T----------------------------------------

VN12        9a      ---L----R-T--------M-------------------------------

NE98        10a     ---L----R-T-----X-------------------V------Q-----V-
```

Figure 2 - continued
                                                                                    100
                                        51
                                        KTSERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP
         HCV1   1a   --M---------
         HCV-J   1b   --X-----
         BNL1   1d   ------------------X-X---S----------------------------------
         BNL2   1d   -----------D---------QSD-XX-----H---------------------------
         CAM1078   1e   ------------------E------
         FR2   1f   --------------------------S-----------------A---------------

         HCJ6   2a   --------------------D--ST-KS-GK----------------L----------
         HCJ8   2b   --------------------D--ST-KS-GK----------------L----------
         CH610   2c   --------------------D--TT-KS-GR----------------L----------
         NE92   2d   --------------------D---T-KS-GK----------------L----------
         BNL3   2e   --------------------D-XAT--S-GR----------------L----------
         FR4   2f   --------------------D--AT-KS-GR----------------L----------

         HCVTR   3b   ----------KQ-HL-----SR---S---------------------K---L-------

         DK13   4d   ----------------------QL---S--------------------------------
         CAM600   4e   ----------------------T---S---------------------------------
         GB809   4e   ----------------------S---S----------------------X-----
         BNL7   4k   ----------------------S---S---------------------------------

         BE95   5a   --------------------Q-T--S-G-----------A---L----------

         HK2   6a   --------------------Q-Q--H--------------------------

         FR1   7a   --------------------V-Q-T--S-G----------------------

         VN4   8a   --------------------V-HQT---------------------------
         VN13   8b   --------------------V-HQT---------------------------

         VN12   9a   --------A---------V-QNQ-----------------------------

         NE98   10a   ----------S------R---T--S---------------------------

Figure 2 - continued

```
                     101                                                150
HCV1      1a    RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA
HCV-J     1b    -------------------------------------------------
BNL1      1d    ------N---
BNL2      1d    ---------
FR2       1f    ---------N---------------------------------------S-T

HC-J6     2a    ----------N---H----V-------------------V-------V---
HC-J8     2b    -----T-------H------R----I-------------V-----V--V---
CH610     2c    -------------H-------------------------V-----V--V---
NE92      2d    -------------H-------------------------V-----V--V---
BNL3      2e    ---------                    --XX------X-V----V--X---
FR4       2f    ---------N---H---------------------X-------V----V--V---

HCV-TR    3b    ----------N--------F------------------------V--V---

GB116     4c                            ------------------V--V---
DK13      4d    ---------N------------------------------V----V--V---
CAM600    4e    -X--X----N---X-----------------------------V--V---
GB809     4e    ---------N--------------------------------V--V---
G22       4f                            ------------------V--V---
GB549     4g                            ------------------V--V---
GB438     4h                            ------------------V--V---
BNL7      4k    ---------N-------

BE95      5a    -----N---N----K------------------------G-I--V---

HK2       6a    -----H---N-----------------------------V-------V-A-

FR1       7a    -----N---N----------------XXL---------VL-G----V-A-

VN4       8a    -----N---N-----------------------------V----X--V-X-
VN13      8b    X----N---N---X------------XX----IE--

VN12      9a    -----D-X-N---X---------------------E---V-------V-AE

NE98      10a   ---------N-----
```

Figure 2 - continued

```
                        151                                                    200
    HCV1       1a       LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL
    HCV-J      1b       ------------------------------------I-----E---VS-I
    BNL1       1d               --------------------------------XT-HE---AS-V
    BNL2       1d               ----------------------------F-------TT-HE---AS-V
    FR2        1f       -X------XG--XXXXX--X---XX----X---------T---E-HST-DG

    HC-J6      2a       ------------F-----------------------I-T-V--AE-K-ISTG
    HC-J8      2b       ----------I------------------------V---V--VE---ISSS
    CH610      2c       ----------I-------------------S-----IS--V--VE-K-TSTS
    NE92       2d       ----------I------------------------I---V-GL--K-TSSS
    BNL3       2e       --X-------I--X-------------X-----V---V-XVE-K-TSQA
    FR4        2f       ----------I------------------------I---V--I--K-NSHF
    BNL4       2g       -----------------------------------V---V--V--K-TSTM
    BNL5       2h       --I--------------------------------V--K-TSHS
    BNL6       2i       --I--------------------------I---V--V--A-RS-S

    HCV-TR     3b       ------A-G-----------------------F----C---GLEYT-TS--

    GB116      4c       -E----AV---I-----------------S-----------T--VNY--AS-V
    DK13       4d       ------L------------------------------------NY---S-V
    CAM600     4e       ------AV---I----------------------------T--VNY--AS-I
    GB809      4e       ------AV---I-----------------------------GVNY--AS-V
    G22        4f       ------AV---I-----------------------------VHYH-TS-I
    GB549      4g       ------AV---I------------------------------QHY--IS-I
    GB438      4h       ------AV---I---------------V---R---------QHY--AS-I
    BNL7       4k          --I-F--------------------------------INY--VS-I
    BNL8       4k          --I----------------------------------INY--TS-I
    BNL9       4k          --I----------------------------------INYH-TS-I
    BNL9       4k          --I------I---X-----X----------------TNY--VS-I
    BNL10      4k          --I-----X---------------------------TNY--VS-I
    BNL11      4l          --I----------------------I------------QHY--VS-I

    BE95       5a       -----------------------------------I-----------VPY--AS-I

    HK2        6a       ------AI---I-----------------------T----LTYG--S--

    FR1        7a       ------AI---------------------------T----I--K-AS-I

    VN4        8a       -----XXI--X-----X---XX-X--X---------T----AHYT-KS--

    VN12       9a       -X----AI---I-------------------X--------T----LNYA-KS--

    NE98       10a         --I-F------------------------F---LT-TAGLEY--AS--
```

Figure 2 - continued

```
                        201                                                    250
HCV-1      1a   YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD
HCV-J      1b   -------S----------M-M-----------S-F------L---L-A-N
BNL1       1d   -------S----I--MDGM-M-Y---------D-HL---M-L---L-VKX
BNL2       1d   --L----S----I--MSGM---A---------N-S----MXL---L-VK-
FR2        1f   -------S-G------K-I------X---I----I-----PL---L-A-I

HC-J6      2a   -M-----T-D--TWQLQA-V--V------EKV--T----IPVS-N--VQQ
HC-J8      2b   -YA----S-N--TWQLT--V--L------ENDNGTLH--IQV--N--VKH
CH610      2c   -M-----S-----WQLEG-V---------EQI-------PVS-N--I-Q
NE92       2d   -M-----Q-----WQLR--V--V------EQI-------PVS-N--I-Q
BNL3       2e   -MA----S-N--WQLX--V--V------EEK--I----IPVS-NI-VSQ
FR4        2f   -MA----A-D---WQLR--V--V------ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK
BNL4       2g   -MA----S-N--IWQMQG-V--V------E-S--RTF--T-VS-N--VSR
BNL5       2h   -M-----S-----WQLK--V--V------E-HQ-Q----IPV--N--VNQ
BNL6       2i   -M-----S-----WQLEE-V--V------EWKD-T----IPV--NI-VSQ

HCVTR      3b   -VL----S-G------E-V---L---------TT--Q-S--TTVST---V-T

GB116      4c   --I------------DYH---L---L----V--Q------L-----APY
DK13       4d   ---------------TDYH---L---------K-T---SL-----AQH
CAM600     4e   --I-------A-----TENH---L--------T--Q------L-----SPY
GB809      4e   --I-------A-----TDNH---L--------KT--Q------L-----SPY
G22        4f   --L----------F--VHH---L--------T--Q------L---L-APY
GB549      4g   ---------------DHH-M-L---------T--T------PL-----APY
GB438      4h   ---------------DHH-M-L---------T--V----IPL-----VPY
BNL7       4k   -Y-------------DHH---L-----------Q------L-----APY
BNL8       4k   ---------------DHH---L---------T--Q------L-----APY
BNL9       4k   --I------------DHH---L---------V--Q-S----L---I-APY
BNL9       4k   ---------------DHH--AL---------V--Q------L-----APY
BNL10      4k   -----------F--DHH---L---------K---H------L-----APY
BNL11      41   ---------------SDHH---L---------KT--T------L-----API
GB724      4x   --I---------V---TDHH---L--------T--V----TPV-----AVS

BE95       5a   ----------------DNL---A-------MT--V-----QI---LSAPS

HK2        6a   --L----------L--DAM---L---L----VDDR-T--H-V---L-IPN

FR1        7a   --L----S-N---F--ETM---L-------IKA--E----LPVS--L-VPN

VN4        8a   --L------------ETL---L-------KXX-Q-----QAS--L-VPN

VN12       9a   --L------------NGM---L-------KT--LTK--LSAS--L-VQN

NE98       10a  -M-----S-G------G-I---L--------S--T----IPVSX---VKS
```

Figure 2 - continued

```
                        251                                                    300
HCV-1      1a    GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPRRHWT
HCV-J      1b    SSI-T-TI---V-----A-A----M------------S---------YE-
BNL1       1d    ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X---------A---------M-H-
BNL2       1d    ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-------------------LYH-
FR2        1f    ANA-IDEV---V-----A-VF---M-I-----G----------TS-----
HC-J6      2a    PGALTQG--T---MV-M--------------G-M-AA-M-IV--QH--F
HC-J8      2b    RGALTRS--T-V-MI-MA--A---------V--A-MILS-A-MV--Q--NF
CH610      2c    PGTLTKG--A-V-VI-M-----------V--ALMIAA-AVIA--Q--TF
NE92       2d    PGALTKG--T----TIIA---F------I-----A-M-AS-V-II--QH-KF
BNL3       2e    PGALTKG--AR--AV-M-----------V--A-MIAA-A-IVA-K--YF
FR4        2f    PGALTRG--A---TI-M---------I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF
BNL4       2g    PGALTRG--T----TI-MV--------I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF
BNL5       2h    PGALTRG--T----TI-A---V--------F-A-M--S-F-MI--QH-IF
BNL6       2i    PGAXTKG--T----II-A---F------

HCVTR      3b    LGVTTASI-T-V-M---ARQ---------AF-A------A---R----T-

GB116      4c    VGA-LES--S-V--M--A--V-------I-----G------M-S-Q-----
DK13       4d    LNA-LES----V--M--G---------I--V--G----------Q-----
CAM600     4e    AGA-LEP----V--M--A--M-------I-----GL-----M---Q-----
GB809      4e    VGA-LEP----V--M--A--V-----------GL-----M---Q-----
G22        4f    LGA-LESM---V--M--T---------------GI--A--M---R--L---
GB549      4g    VGA-LESM---V--M--A--V-------I-----G------M---R-----
GB438      4h    LGA-L-SV-Q-V--M--A---------I--H-G---A--MVS-Q-----
BNL7       4k    IGA-LES--S-V--M--A--V-------I--X-XGL-----M-S-R-----
BNL8       4k    IGA-LES--S-V--M--A--V-------I-----GL-----M-S-R-----
BNL9       4k    IGA-LES--S-V--M--A--V-------I-----GA-----M-S-R-----
BNL9       4k    TAA-LES--S-V--M--A--V-------I-X---GL-----M-SXQ------
BNL10      4k    IGA-LES--S-V-VM--A--V-------I-----GL-----M-S-R------
BNL11      4l    LSA-LMSV---V--M--A---S----------GA-----M---Q-----
GB724      4x    VDA-LESF---V--M--A-----V---------GA-----M---Q-----

BE95       5a    LGAVTAP---AV-Y-A-G-A---------A--AL-----M--YR--Q-A-

HK2        6a    AST---GF---V---A-A-VV--S--I------L--A------Q------

FR1        7a    SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I------II---------R-KY-QV

VN4        8a    AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-------GL--------LR--M-QV

VN12       9a    ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-------GL---------R--MYEI

NE98       10a   PCAATAS--T-V-MM-XA-------------AL--X--G-SWRH-Q---
```

Figure 2 - continued

```
                        301                    319
HCV-1     1a    TQGCNCSIYPGHITGHRMA
HCV-J     1b    V-D---------VS-----
BNL1      1d    --E-----
BNL2      1d    --E-----
FR2       1f    V-D------S------XXX

HC-J6     2a    V-D--------T-------
HC-J8     2b    --E------Q---------
CH610     2c    V-E--------------X
NE92      2d    V-D---------------
BNL3      2e    V-E---------------
FR4       2f    V-E--------------X
BNL4      2g    S-D-----
BNL5      2h    V-D-----

HCVTR     3b    V-T---------VS-----

GB116     4c    --D------A--V------
DK13      4d    --D------T---------
CAM600    4e    --D------T---------
GB809     4e    --D------A---------
G22       4f    --E----T-----------
GB549     4g    --D------D---------
GB438     4h    --D------V---------
BNL7      4k    --D-----
BNL8      4k    A-D-----
BNL9      4k    --D-----
BNL9      4k    --D-----
BNL10     4k    --E-----
BNL11     4l    V-D-----
GB724     4x    --D------T---------

BE95      5a    V-N------S--V------

HK2       6a    V-D------T--V------

FR1       7a    --D----XNX--V------

VN4       8a    V-E------T---------

VN12      9a    A-D------A---------

NE98      10a   V-D-----
```

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTCACAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCGGYCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCCGCGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)
GACGGCGTGAACTATGCAACAGGGAACTTGCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTTG
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCGTGCCCTGCGTTCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTTGGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCATGCACCATACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACCAGGAAGACTTCCGAGCGGTCGCAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCCT
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCCGCGGCTCTCGGCCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)
GACGGCGTGAACTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGCACGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTCGGGAGAACAACTCTTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTCGACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCCTTGTCGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCTTGTACCATACAACACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTCGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGCAACACCAACCGCCGCCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCTCGCG
GCTCCCGTCCTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTTGGGTAAGG
TCATCGATACCCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCCTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNNAACCTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACAACCGATGGCTACCATGTCACTAATGACTGTTC
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTTCACACGCCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTCGACCTCCTCGTGGGGGCAGCCGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGGCGTCTTCCTCGTTGGGCAATTGTTCACCTTCACGTCCCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACCAACCGCCGCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCCTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)
ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCGTTGTCGGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGCGGGTCCTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTNGTTGGCTCTTCTGTCTTGTGTCACCGTGCCTGTCTCTGNCGT
TGAGGTCAAAAATACCAGTCAGGCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTCATGTTCCTGGATGTGTCCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTCGGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGTGCTCTCACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTCATCGTGGCACCGAAGCGCCATTACTTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTCATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTCGCCCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCCGGGGCTCTCGCCCCTCGTG
GGGCCCAAACGACCCCCGGCACAGGTCACGCAACTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTCGTCGGCGCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGCGGGTCCTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACTTGCCCGGT
TGCTCCTTTTCTATCTTCTTGCTGGCTCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTTAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCCTGGATGTGTCCCCTGTGAGAGGTCAGGTAATAGGACCTTC
TGTTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGCTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATACCATCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTCGTCTCACCGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)
GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGTTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTCACCGTGCCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCCAACAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCTGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGCGGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACTTTTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)
ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACTTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)
GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGCTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGGCGTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAATGTGGCC
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAGGGGGTTTGCGGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCTCAGCACCACATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)
GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGCATCACCGTGCCGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCGCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGTCCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTCACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTCGCGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCTTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)
ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTCGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTTACGGTAAT
GAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)
GACGGGATCAATTTTGCAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTRTGTGGYGGCTTGTTCCTAGTCGGTCAGATGTTC
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

Figure 3 - continued

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCGAACTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCACATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATTAACTACCACAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAATCAGTCGAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCCTTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCGGCC
ACTGTCTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGTGCGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTC
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACCACCCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTTCTATCTTCCTTYTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTAGCACTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGGAACCAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGGCGCCGCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGGCTTGTTCTTGGTTGGTCAGATGTTC
TCTTTYCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTTTGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCGTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAAATCATTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTTCCTGGTTGGTCAGATGTTC
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGGCCTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCACGTC
ACCAACGACTGCCCGAACTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCAGGG
TGTGTACCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCTTAACACCTACCGTGGCC
GCGCCATACTTTCGGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCCTATCGTCTGCCCTCTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCCTAGTGGGGCAGATGTTC
ACCTTCCAGCCGCGTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)
ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTCGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGGGGTAGACGCCAACCTATACCG
AAGGTGCGTCACCAAACGGGCCGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGCCCTAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACTTGNGGSTTCGCCGAC
CTCATAGAGTACATTCC

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)
```
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCATCCGCCGCCCACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCGCCACCAAACGGGCCGTACCTGGGCCCAGCCCGG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCAAATTGGGGCCCAAACGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGTATATCCCTGTCGTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCGCGGNGGCCTTGGCGCATGGGGTCANGGNCATCGAGGACGGNGTAA
ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNNGCTCTNTCTCTATCTTNCTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCAACGACT
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCACTTGCCTGGGTGTGTACCTT
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCCGCAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAACTGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA
```

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)
```
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTTACCGCGCAGGGGCCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGGNCCCAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCG
ACACCCTCACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCGTTGGCGCCCCCCT
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACTGGNACATGGTGTCAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
AGGGAATCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCTCACCACGCC
TGCCTCCGCACTAAACTATGCTAACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCCAATAG
CAGCATTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCCGGGTTGCGTCCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTTGGCTGTCGGCCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAATGCGTCGGTGTC
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTCACGTTCAGACCCAGGATGTA
TGAGATCGCCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG
```

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)
```
ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGC
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCATACCAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCCGC
GGGTCTCGTCCTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGGCGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
GTCATCGATACCCTTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCCTAGGAGG
CCGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCGTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCCTCTTAGCACTGTTATCGTGCCTCAC
TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAACAGCATCGTTTTTGAGGCGGAGACCATGATACTGCATCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCCACCTTAGCCGTCCCCAACTCATC
AGTGCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTTACTTTCAGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAACTGCTCTATNAACNCTGGCCACGTCACGGGACACAGGAT
GGCA
```

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)
ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCAGGGGCCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCGCAAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)
GACGGAATTAATTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCGCC
GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCCTCTCTCCGCACGCACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTYGGGCAGGGGTTC
TCATGGAGACATCGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1,1d)
CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCCTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2,1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTACGTCGGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGCAGAACTGCGGCTATCGTCGGTGTCGCGCTAGCGGCGTGCTGACCACCAGCTGCGGCAA
CACCCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGCGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17,1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTCGAGGAATCAATCTACCAGTGCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGTAA
TACCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTCGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCGTTATCTGTGAGAGTGCRGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078,1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTTGGGTCGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTCGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCGCAGCCCGGGTA
CCCCTGGCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGCAGGTNGGCTCCTGTCCCCTCG
CGGCTCCCGTCCTAGTTGGGGTCCTACTGACCCCCGGCGTAGGTCACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078,1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCGGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCCTGACAAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCCTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTCGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTCGTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTCGAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16,1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCGGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGGCAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCCATGGCTCCCGGCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGGATCTACCACGTCACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCGTTTTCCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTCGACTTGCTTGTTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCCTCGTCGGCCAACTGTTCACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16,1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTCGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCCGCGGCCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCGTTATCTGTGAGAGTGCGGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3,2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGAA
CCTGANNNNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCGGACTGCCATACATTCATTAACTGAGAGACTTTACGTGGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCACGAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTGGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5,2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCGAACTGCCATACATTCATTGACTGAGAGACTTTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCCACGAT
GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13,2k)

CGNACANCCTCCAGGCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCTTTCTTGGATAAACCCACTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTTGCCNTGCAGGGG
NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCATCCCGAAAGATCGGNGCACCACTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCCG
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTCGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGGTACATTCCCGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGGNGGCGTCGCCAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCCTGGAGGACGG
GATAAACTATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGTCCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNCGCGGTGCT
TCACGTTCCTGGATGCGTCCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAACTGTTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13,2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCGAGCTGCCATACACTCACTAACTGAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCACTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCCAGGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATTGTTGCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18,21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCGGACTGTCATACATTCGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCTGTGGATACAGGCGTTGTCGCGCCAGCGGGGTGTTCACCACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64,3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTTGCCGTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCTTGTCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8,4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGCCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTGCGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12,41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTCTACTTGGGCGGCCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCGAGCGGAGTGTACACCACAAGTTTCGGGAA°
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCTAAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81,4m)

CTCCACCGTAACCGAAAGGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGGCCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTGCGGGGACGACCTGGTCGTCATCGCAGAGAGCGATGGCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13,7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTCGTTATTTCGGAGAGTTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGGGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACTATGACAT
GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTCACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCGGCCCCATGTACAACTC
TCGAGGTCAGTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTCACCACAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCGGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTCGGGGGCCCTATGTACAACTC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCGTAACTGAGAGTGCTGGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACTTTCCATCTTTCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCCTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTAAAAATCCATCATT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTCGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCGGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTCACCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYYTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCGGAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGCCAGGCCTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTCACCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAGGCCAARGCAGCTTGTAAAGCYGCTGGCATTGTTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 103 (FR19,11a)
CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCTTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCGGAGATTTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCCACAGGACGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCCAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTTAGGCGCACCACCGGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19,11a)
CTCTACTGTCACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTCACCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAGGCGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KAXRXEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPXTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLCGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCSI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRDRRQPIP
KARQSDGXXWAQPGHPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCSI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIP
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KARRPEGRSWAQPGYPWPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAAVFCSAMYIGDLCGGVFLVGQLFTFTSRRHWT
VQDCNCSIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KDRXATGRSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)
TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSXV
EVKNTSQAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGCVPCENSSGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTKGL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCSIYPGHITGHRMA

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSERSQPRGRRQPIP
KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNNS
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVPCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLCGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCSIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIWQMQGAVLHVPG
CVPCELQGNKSRCWIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCGAVMIAAQVV
IVSPQHHNFSQDCNCSI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAEYTCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSIVWQLKDAVLHVPG
CVPCERHQNQSRCWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MISPQHHIFVQDCNCSI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSIVWQLEEAVLHVPG
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLPG
CVPCVREGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLRSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTTQDCNCSI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLPG
CVPCVRTGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLRSHVDLMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTAQDCNCSI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLPG
CVPCVRVGNQSSCWVALTPTIAAPYIGAPLESLRSHVDLMVGAATVCSALYIGDLCGGAFLVGQMF
SFRPRRHWTTQDCNCSI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)
DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALPG
CVPCVRVGNQSRCWVALTPTVAAPYTAAPLESLRSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRHWTTQDCNCSI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)
DGINYATGXLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLPG
CVPCVKEGNHSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLRSHVDVMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTTQECNCSI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)
DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLPG
CVPCVKTGNTSRCWVALTPTVAAPILSAPLMSVRRHVDLMVGAATLSSALYVGDLCGGAFLVGQMF
TFQPRRHWTVQDCNCSI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LIEYI
```

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

```
MSTLPKPQRKTKRNTIRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKS
GLYHLTNDCPNSSIVYEAETLILHLPGCVPCVKXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDI
MVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTLRPRMHQVVQECNCSIYTGHITGHRMA
```

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQARGRRQPIP
KVRQNQGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVRAIEDGINYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKS
GLYHLTNDCPNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNLTKCWLSASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNCSIYAGHITGHRMA
```

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLAD
LMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNAS
GIYHLTNDCSNNSIVFEAETMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL
LVGAAAFCSAMYIGDLCGSIILVGQLFTFRPKYHQVTQDCNCSXNXGHVTGHRMA
```

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNXRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPQLGVRAVRKTSERSQPRSRRQPIP
RARRTEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR
```

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

```
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMVTNDCSNGSIVYEAGDIILHLPG
CVPCVRSGNTSRCWIPVSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMMVXAATLCSALYVGDLCGALFLXGQGF
SWRHRQHWTVQDCNCSI
```

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

```
STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRA
```

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

```
STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRV
```

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

```
STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESXGVEEDAANLRV
```

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078,1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAARKTSERSQPRGRRQPIP
KERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCXFAD
LMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078,1e)

STVTEADIRTEESIYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKALAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIYQCCDLDPEARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVVICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16,1g)

MSTNPKPQRKTKRNINRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGMGWAGWLLSPHGSRPSWGPSDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16,1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3,2e)

STVTERDIXTEESIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTSMGN
TITCYIKALAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVVISESQGAEEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5,2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TITCYVKALAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13,2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIP
KDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXD
LMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXN
TYMVTNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTI
VASATFCSALYIGDVCGAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13,2k)

STVTERDIRVEESVYLSCSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGN
TLTCYLKAQAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVVISESQGTERDENNLRP

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18,21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVVISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64,3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPTSYGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8,4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVVIAESDGVEEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12,41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESEGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81,4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVDEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13,7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTTILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVVISESLGVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4,7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMMNSRGQSCGYRRCRASGVLTTSLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12,7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMLVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1,9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSCQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98,10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPTSFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14,11a)

STVTERDIRTEESIYLSCQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLRV

Figure 3 - continued   43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLRX

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	Sequence (1 ... 50)
			MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR
HCV-1	1a	1	--
HCV-J	1b		-----------R-T------------------------------------
BNL1	1d	2	-----------R-T-----XXXXX-------------------------X-
BNL2	1d	6	-----------R-T--------X----------------------------
CAM1078	1e	10/60	-----------R-T------------------------V-----------A-
FR2	1f	12	-----------R-T------------------------------------
FR16	1g	66	-----------R-T----I---------------------------I----
HC-J6	2a		-----------R-T------------------------------------
HC-J8	2b		-----------R-T------------------------------------
CH610	2c		-----------R-T------------------------------------
NE92	2d		-----------R-T------------------------------------
BNL3	2e	14	-----------R-T------------------------------------
FR4	2f	18	-----------R-T-----------------------------------P-
FR13	2k	76	-----------R-T----I--------------XC-X--XXXC--X
EB1	3a		--L---R-T----I------------------------V-----------
NZL1	3a		--L---R-T----I------------------------V----------C-
HCV-TR	3b		--L---RQT---L----N--------------------V----------V-
GB358	4c		-----------R-T----M--------------------------------
DK13	4d		-----------R-T----M--------------------------------
CAM600	4e		-----------R-T----M--------------------------------
GB809	4e		--L-R-T----M--------------------------------------
HPCCOREE2A	4?		--T------T--G
HPCCOREE2B	4?		--T----M--
HPCCOREE2C	4?		--M--
GB724	4?		-----------R-T----M--------------------------------
BNL7	4k	28	-----------R-T----M--------------------------------
BE95	5a		-----------R-T------------------------------------
HK2	6a		-----------R-T----T--------------------------M-----
VN13	7a	46	--L---R-T---
VN4	7c	44	--L---R-T----I------------------------------------
VN12	7d	48	--L---R-T---
FR1	7d	42	--L---R-T----M------------------------------------
FR1	9a		--L---R-T----M------------------------------------
NE98	10a	50	--L---R-T----X------------------------V---Q---V-
FR19	11a	104	------RQT------------------------------------V----

core-V (box spanning the region PKARR PEGRTWAQ)

Reference numbering: 51 ... 100

Isolate	Type	SEQ ID	Sequence (51–100)
			KTSERSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP
HCV-1	1a		--
HCV-J	1b		---M--------
BNL1	1d	2	----------------X-X--S----------------------------
BNL2	1d	6	---D------------QSD-XX---H------------------------
CAM1078	1e	10/60	---------------------E--S---------------------X----
FR2	1f	12	------------------------A-------------------------
FR16	1g	66	---------------------------S-------------M--------
HCJ6	2a		---------D--ST-KS-GK-------------------------L-----
HCJ8	2b		---------D--ST-KS-GK------------------------------
CH610	2c		---------D--TT-KS-GR-------------------------L-----
NE92	2d		---------D--T-KS-GK--------------------------L-----
BNL3	2e	14	---------D-XAT--S-GR-------------------------L-----
FR4	2f	18	---------D--AT-KS-GR-------------------------L-----
FR13	2k	76	----X-Q--D-XTT-KS-GR-------------------------L-----
EB1	3a		----------------------S---------------------------
NZL1	3a		----------------------S---S-----------------------
HCV-TR	3b		----KQ-HL----------SR---S-----------------K--L----
GB358	4c		----------------------S--S------------------------
DK13	4d		-----------------QL---S---------------------------
CAM600	4e		----------------------T--S------------------------
GB809	4e		----------------------S--S------------------------
BNL7	4k	28	----------------------S--S----------F-----X-------
HPCCOREEZA	4?		----------------------S--S--------F---------------
HPCCOREEZB	4?		----------------------S--S------------------------
HPCCOREEZC	4?		----------------------S--S-----------K------------
GB724	4?		----------------------S--A------------A-----K-----
BE95	5a		---------Q-T--S-G--------------A--L---------------
HK2	6a		---------Q-Q--H-----------------------------------
VN13	7a	46	-----V-HQT--
VN4	7c	44	-----V-HQT--
VN12	7d	48	--A--V-QNQ--
FR1	9a	42	---------V-Q--T--G--------------------------------
NE98	10a	50	----S----V-R--T--S--------------------------------
FR19	11a	104	---------V--TT------------------------------------

```
                                          101                                              150
Isolate    Type   SEQ ID   RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA
HCV1       1a              --------------------------------------------------
HCV-J      1b              --------------------------------------------------
BNL1       1d     2        ----N---------------------------------------------
BNL2       1d     6        --------------------------------------------------
CAM1078    1e     10/60    -----------------------X--------------------------
FR2        1f     12       ------------N-------------------------------------
FR16       1g     66       H-------S-------------------------------S-T--------
HC-J6      2a              ------------N---H---V------------------------V-----
HC-J8      2b              -----T------H-----R----I------------------V--V-----
CH610      2c              ------------H---------------------------------V--V-
NE92       2d              ------------H------------------------------V--V----
BNL3       2e     14/16    -----------------------------XX------X-V-X---------
FR4        2f     18       ------------N---H----------------X-----V-V---------
FR13       2k     76       ------------N---H--------X-X------V----VX-V--------
HCV-TR     3b              ------------N---------F-----------------V--V-------
GB116      4c              ---------------------------------------V--V-------
DK13       4d              -----------------------------V---------V--V-------
CAM600     4e              ------------N---------------------------V--V-------
GB809      4e     X-X------N--X-------------------------------V--V-------
G22        4f              ------------N---------------------------V--V-------
GB549      4g              ---------------------------------------V--V-------
GB438      4h              ---------------------------------------V--V-------
BNL7       4k     28       ------------N-----------------------------V--V-----
BE95       5a              --N---------N---K---------------------G-I--V-------
HK2        6a              --H---------N---------------------------V----V-A--
VN13       7a     46       X---N-------N---X------------XX---IE----V--X--V-X--
VN4        7c     44       --N---------N---X----------------------V--X--V-X--
VN12       7d     48       ----D-X-N---N---X------------E---E--V---V-AE-------
FR1        9a     42       --N---------N------------------XXL----VL-G---V-A---
NE98       10a    50       --N---------N--------------------------VL-G---V-A--
```

```
                                                        V1
                                                        ┌──────────────── 200
Isolate    Type  SEQ      151
                  ID      LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL

HCV1       1a             --------------------------------------------I---E---VS-I
HCV-J      1b             ------------------------------------------XT-HE--AS-V
BNL1       1d    4        ------------------------------------------TT-HE--AS-V
BNL2       1d    8        -X----XG--XXXXX--X-----F-------------T---E-HST-DG
FR2        1f    12       --Q-F-D--
FR16       1g    66       --F----------------------I-T-V--AE-K-ISTG
HC-J6      2a             ----I----------------V---V--VE---ISSS
HC-J8      2b             ----I-------S------IS--V--VE-K-TSTS
CH610      2c             ----I-------------------------VE-KDTGDS
S83        2c             --------------------I---V-GL--K-TSSS
NE92       2d             ------------------I---V--V-XVE-K-TSQA
BNL3       2e    16       --X-----------------I---V--I--K-NSHF
FR4        2f    18       ----I---------------V---V--V-K-TSTM
BNL4       2g    20       -------------------------V--K-TSHS
BNL5       2h    24       ----I---------------I---V--V-A-RS-S
BNL6       2i    26       ----I-------S--------/I-X-V--VEIK-TXNT
FR13       2k    76       ----I--E------------LEW--TS--
BR36       3a             ----------------F--C--GLEYT-TS--
HCV-TR     3b             --A-G------------------EHY--AS-I
Z4         4a             -----------------------EHY--AS-I
GB809-4    4a             -----------------------VHY--AS-V
Z1         4b             -------------------S---T--VNY--AS-V
GB116      4c             -E----AV---I-----------IHY--AS-V
GB215      4c             -----------------------VNY--AS-I
GB358      4c             -------------------------NY---S-V
DK13       4d             ----L------------------T--VNY--AS-I
CAM600     4e             ----AV---I-------------GVNY--AS-V
GB809-2    4e             ----AV---I-------------VHYH-TS-I
CAMG22     4f             ----AV---I-------------VHYH-TS-I
CAMG27     4f             ----AV---I--------V----QHY--IS-I
GB549      4g             ----AV---I-------------QHY--AS-I
GB438      4h             ------I-F--------------INY--VS-I
BNL7       4k    30       -----I-----------------INY--TS-I
BNL8       4k    32       -----I-----------------INYH-TS-I
BNL9       4k    34       -----I-------I---X-----TNY--VS-I
BNL10      4k    36
```

```
BNL11   4k  38   --I-----X-------------------TNY--VS-I--
BNL12   41  40   --I---------------I---------QHY--VS-I--
BE95    5a       --------------------I-------VPY--AS-I--
BE100   5a       ---------------------------VPY--AS-I--
HK2     6a       -----AI---I-------------T---LTYG--S---
VN4     7c  44   ----XXI--X---XX-X--X--------AHYT-KS---
VN12    7d  48   -X---AI--I---------X----T---LNYA-KS---
FR1     9a  42   ----AI-----------------T---I--K-AS-I--
NE98    10a 52   --I-F-------------F---LT-TAGLEY--AS---
```

TOGOSO BETTS960

Isolate	Type	SEQ ID	Sequence (201 — V1 · V2 · V3 · V4 — 250)
HCV-1	1a		YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD
HCV-J	1b		----------------S----------------S-F----L--A-N
BNL1	1d	4	----------------S-------------M-M
BNL2	1d	8	--L-------------S------------I--MDGM-M-Y----D-HL--M-L--L-VKX
FR2	1f	12	--L------------S-------------I--MSGM----A-----N-S----MXL--L-VK-
HC-J6	2a		-M------T-D--TWQLQA-V--V----I-----PL--L-A-I
HC-J8	2b		-YA----S-N--TWQLT-V--L-----EKV--T----IPVS-N--VQQ
CH610	2c		-M-----S----WQLEG-V--------ENDNGTLH--IQV--N--VKH
S83	2c		-MP----S----WQLEG-V--------EQI----PVS-N--I-Q
NE92	2d		-M-----Q----WQLR--V--V-----E-TA-V--PVA-NL-ISQ
BNL3	2e	16	-MA----S-N--WQLX--V--V-----EEK--I----IPVS-NI-VSQ
FR4	2f	18	-MA----A-D--WQLR--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK
BNL4	2g	20	-MA----S-N--IWQMQG-V--V----E-S--RTF--T--VS-N--VSR
BNL5	2h	24	-M-----S----WQLK--V--V-----ELQ--K----IPV--N--VNQ
BNL6	2i	26	-M-----S----WQLEE-V--V-----E-HQ-Q----IPV--N--VSQ
FR13	2k	76	-M-----S-X--TWQLXX-V--V----EWKD-T----IPV--NI-VSQ
BR36	3a		-VL----S-------D-V--------E-S----IPV-X-XVSR
HCVTR	3b		-VL----S-G-----E-V--L------I---QD-T-T-TPV---VKY
24	4a		--I-----------V---DHH--L---TT--Q-S-TTVST--V-T
GB809-4	4a		--I-----------V---DHH--L---MT--T----TPV---VAH
21	4b		--I------------T---TDHH--L---A--V----TPV---AVS
GB116	4c		--I------------T-TEHH-M-L--TE-T----PL---APY
GB215	4c		--I-----------DYH-----L----V--Q----L---APY
GB358	4c		----------------DHH---L----V--Q----LS--APY
DK13	4c		--I------------TEHH---L----V--Q----L---APY
CAM600	4d		--I------------TDYH---L----K-T----SL--AQH
GB809-2	4e		--I---A---TENH----L----T--Q----L---SPY
CAMG22	4e		--I---A---TDNH----L----KT-Q----L---SPY
CAMG27	4f		--L---F--VHH----L----T--Q----L-APY
GB549	4f		--I---F--EHH----L----T--Q----I-L-APH
GB438	4g		-------DHH-M-L----T--T----PL---APY
BNL7	4h		-Y-----------DHH-M-L----T--V----IPL----VPY
BNL8	4k	30	----------------DHH---L----T--Q----L---APY
BNL9	4k	32	--I------------DHH---L----V--Q----L---APY
BNL10	4k	34	----------------DHH---L----V--Q----L---APY
BNL11	4k	36	----------------DHH--AL----V--Q----L---APY
	4k	38	-----F--DHH----L----K--H----L---APY

```
                              V4                                                V5
                              251                                                   300
Isolate    Type  SEQ          GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPRRHWT
                 ID
HCV-1      1a                 GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPRRHWT
HCV-J      1b                 SSI-T-TI---V-----A-A--M------------------------S-----YE--
BNL1       1d    4            ASV-TXAI---V-----XX-F--M-X------A----------------M-H-
BNL2       1d    8            ANV-TAAI---V-----T-AFR-M---------------A----------LYH-
FR2        1f    12           ANA-IDEV---V----A-VF---M-I------G-------------TS------
HC-J6      2a                 PGALTQG-T---MV-M-------------G-M-AA-M-IV---QH---F
HC-J8      2b                 RGALTRS-T-V-MI-MA---A--------V-A-MILS-A-MV---Q---NF
CH610      2c                 PGTLTKG-A-V-VI-M------------V-ALMIAA-AVIA---Q---TF
S83        2c                 PGALTKG-A---II-M----V--------V-ALM-AA-VVVV---QH-TF
NE92       2d                 PGALTKG-T---TIIA----F-----I---A-M-AS-V-II---QH-KF
BNL3       2e    16           PGALTKG-AR--AV-M-------------A-MIAA-A-IVA-K---YF
FR4        2f    18           PGALTRG-A---TI-M----------I---A-MIAA-VAVV---QY-TF
BNL4       2g    20           PGALTRG-T---TI-MV---------I---V-A-MIAA-VVIV---QH-NF
BNL5       2h    24           PGALTRG-T---TI-A---V--------F-A-M--S-F-MI---QH-IF
BNL6       2i    26           PGAXTKG-T---II-A---F---
FR13       2k    76           PGALTEG-S---TI-A---F-------I---V-AIMIAA-VVIV--EH-HF
BR36       3a                 VGATTASI-S-V-----A-M---------M-A----A----R----Q--
HCVTR      3b                 LGVTTASI-T-V-M---ARQ---------AF-A----A----R----T--
Z4         4a                 PGA-LESF---V--M--A----------GA--M--MI--R--
GB809-4    4a                 MDA-LESF---V--M--A--V-V-----GA---M-----Q--
Z1         4b                 PNA-LESM---V--M--A--M--F-I---G-------------D-R
GB116      4c                 VGA-LES--S-V--M--A--V-----I---G------M-S-Q--
GB215      4c                 IGA-VESF---V-MM--A--V-----I---G------M-S-R--
GB358      4c                 IGA-LES--S-V--M--A--A-----I---G------M-S-Q--
DK13       4d                 LNA-LES----V--M--G--------I---V-G----------Q--
CAM600     4e                 AGA-LEP----V--M--A--M-----I---G-GL-----M----Q--
GB809-2    4e                 VGA-LEP----V--M--A--V-----I---G-GL-----M----Q--
CAMG22     4f                 LGA-LESM---V--M--T--------I---GI-A--M---R--L--
CAMG27     4f                 IGA-LESM---V--M--T--------I---GI---M-N-R--L--
GB549      4g                 VGA-LESM---V--M--A--V-----I---G------M--R--
GB438      4h                 LGA-L-SV-Q-V--M--A--------I---H-G--A--MVS-Q--
BNL7       4k    30           IGA-LES--S-V--M--A--V-----I---X-XGL-----M-S-R--
BNL8       4k    32           IGA-LES--S-V--M--A--V-----I---G----GL-----M-S-R--
BNL9       4k    34           IGA-LES--S-V--M--A--V-----I---G------GL-----M-S-R--
BNL10      4k    36           TAA-LES--S-V--M--A--V-----I---X----GL-----M-SXQ--
BNL11      4k    38           IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I--------GL-----M-S-R--
```

```
BNL12   41      LSA-LMSV---V--M--A---S-------GA-----M---Q---|---|
GB724   4x 40   VDA-LESF---V--M--A----V------GA----|---M---Q---|---|
BE95    5a      LGAVTAP---AV-Y-A-G-A---|----A--AL---M--YR--Q-A-
BE100   5a      FGAVTAP---AV-Y---G-A---|----A--AL---M--YR--Q-A-
HK2     6a      AST---GF---V---A-A-VV--S--I------L-A---|---Q---|
VN4     7c 44   AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M------GL---|--LR---M-QV
VN12    7d 48   ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M------GL---|----R--MYEI
FR1     9a 42   SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I------II-----R-KY-QV
NE98    10a 52  PCAATAS--T-V-MM-XA----------AL--X--G-SWRH-Q---|--
```

Isolate	Type	SEQ ID	V5 301 TQG[C]NCSIYPGHITGHRMA 319
HCV-1	1a		TQG[C]NCSIYPGHITGHRMA
HCV-J	1b		V-D----------VS----
BNL1	1d	4	--E-------
BNL2	1d	8	--E-------
FR2	1f	12	V-D------S-----XXX
HC-J6	2a		V-D------T---
HC-J8	2b		--E------Q------
CH610	2c		V-E----------X
S83	2c		V-E------R------
NE92	2d		V-D------------
BNL3	2e	16	V-E-----------
FR4	2f	18	V-E------------X
BNL4	2g	20	S-D----------
BNL5	2h	24	V-D-----------
FR13	2k	76	V-D----------P-X
BR36	3a		V-T----L----LS--
HCVTR	3b		V-T----------VS--
Z4	4a		--E----T-----
GB809-4	4a		--D----T-----
Z1	4b		--D-------VS--
GB116	4c		--D----A-V---
GB215	4c		--D----A---G-
GB358	4c		--D----A-V---
DK13	4d		--D----T-----
CAM600	4e		--D----T-----
GB809	4e		--D----A-----
CAMG22	4f		--E----T-----
CAMG27	4f		--E---T------
GB549	4g		--D----D-----
GB438	4h		--D----V-----
BNL7	4k	30	--D----------
BNL8	4k	32	A-D----------
BNL9	4k	34	--D----------
BNL10	4k	36	--D----------
BNL11	4k	38	--E----------
BNL12	41	40	V-D----------

```
GB724    4x        --D-------T-------
BE95     5a        V-N-----S--V-----
BE100    5a        V-D-----S--V--Q--
HK2      6a        V-D-----T--V-----
VN4      7c   44   V-E-----T--------
VN12     7d   48   A-D-----A--------
FR1      9a   42   --D----XNX--V-----
NE98     10a  52   V-D-----------
```

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932 7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGCGGACACATCCGTACGGAGGAGGCAATCTACCAAT
HCV-J	1b		--A--G-----------AT-----------T---AT---T---------
BE90	1b		N--A----------C----A-------GTT---T---T-----------
BNL1	1d	53	---G------T------AT-------GTC---AT---A-----------
BNL2	1d	55	---G------T------A--------C----RAT---T-----------
FR17	1d	57	---G------T------A-----T----GTC---AT-------G-----
CAM1078	1e	61	---A--G-----AGCT--T----A--A---T--C--A-----------
FR2	1f	63	N--A----------T--T----A---T----T--C-------------
FR16	1g	67	NNNNNNN---------T--T-------T--GTC---RT---T-------
HC-J6	2a		---A--C----------A--------A-G--T---T--C--A--T-GGG
HC-J8	2b		---A--C----G-----G------AA-A--A--AT-C--A--T---GG
BNL3	2e	69	---G------A--T---A---T-AA-N--T-----T--C--A----GG
FR4	2f	71	---A--C----A-----G--T---AA-A--T-----T--C--A---TGG
BNL5	2h	73	---A----G-G------A----A-G--C-----T--C--T---TTG
FR13	2k	77	A------------A--A-----A-AGTT--A---T-CG-T--T-TG-
FR18	2l	79	---A------G------G----A-G-AT----T--C--A-T--TGG
T1	3a		---A--T----ACAG---A-----A-GGT--A----AG--A-------
T9	3b		---T--T----ACAT-----A--T--A-G-----AG--A---------
PAK64	3g	81	---T--T----ACAG--T---A-GGTA-A--A-A-A-------

Isolate	Type	SEQ ID	7932		7981
GB48	4c		----T--A--C--A-AG-----A-GGTC--------AGG-----T--G--		
GB116	4c		----T--A--C--A-AG---------A-GGTC------AGG---T--G--		
GB215	4c		----T--A--C--A-AA-------A-GGTC------AGG-A--T--G--		
GB358	4c		----T--A--C--A-AG-------A-GGTC------AGG-A--T--G--		
GB809	4e		----T--G-----A--------A-AGGTC------AGG-G--T--G--		
GB549	4g		----G--G--C--A--G--T---A-G--C-----A-A-A-G---T--G--		
BNL8	4k	83	----T--A--C--A-AG-----A-G--C------A-AG-----G--		
BNL12	41	85	----G--G-----A-AG-----A-GC-C-----A-AGG-----T--G--		
EG81	4m	87	----C--A--C--A--G-----A-GGTC-----A-AG-----T--G--		
CHR18	5a		--G--C--T--C--ACAT----AATG--T--A---T--T--		
VN13	7a	89	----A---C----TG--AG-----C-T-AC--------G--		
VN4	7c	91	----G-----C----C-----RC--C--C-AC--		
VN12	7d	93	--T-C-----G--C-T------C--T-AC-C-AC----T--G--		
FR1	9a	95	A--------G--G-C-----C--A--C--A-ACNA-AC---T----G--		
NE98	10a	97	----T------CAG------A-GGTA--ACTTT-C---TT--GG		
FR14	11a	99	----T-C----A------G---A--G--A--A--AT-C-----T-TG--		
FR15	11a	101	----T-------A------A--G--A--A--AT-C-----T-TG--		
FR19	11a	105	----T--T------A----G--T--A-----A--A----AT-C--Y--T-TGG		

```
                              7982                                              8031
Isolate   Type  SEQ ID       GTTGTGACCTCGAGACCCCCAAGCCCGGTGGCCATCAAGTCCCTCACCGAG
HCV-1     1a
HCV-J     1b    53           -----------T-G-C----G----A-GCA-----A-G---G---A----
BE90      1b                 -----------T-G-C----G-G--A-ACA-----A-----G---A----
BNL1      1d    55           -----------T-G-C----G-G--T--AA-----A-----G--------
BNL2      1d    57           -----------T-G-C---YG-G----AA-----A-----G---------
FR17      1d                 -C----------T-G-C----G-G----AA-----A-----G--------
CAM1078   1e    61           -C--------GC-----G----A--T--A-------TT-G--T--A----
FR2       1f    63           -C------T--A------G----T--AA-----A-G----A---------
FR16      1g    67           -C--------G-C----G-G--T----A-----A-----G--T-------
HC-J6     2a                 C----TC-T-GCC-GAGG-G----A-ACT----AC-C--A--G--T----
HC-J8     2b                 C----TCT--GCCT-AAG----A-AACT-T----AC-C---G---T----
BNL3      2e    69           C----TC-T-ACC-GAG--G--A-AACT----AC-C--AT-G--T----
FR4       2f    71           CC--CTC-T-ACC-GAG--G----GACT-----AC-T--AT-G--T----
BNL5      2h    73           CC--CTC-T-ACC-GAG------AACT----AC-T--AT-A--T----
FR13      2k    77           CC---TCA--TCC-GAGG-G----A-CT-----AC-C--A--T----
FR18      2l    79           CC--CTCGT-GCC-GAGG-G----GACT-T---AC-T--G--T----
T1        3a                 -C----A--T-A--GG-G--A-GAGA-TG---TCC------G----
T9        3b                 -C--------T-G--AG-G--T-GAA---G--GCG-T----A----
PAK64     3g    81           -----------T--G--GG-G--TA-ACG---A----A---G----G--A
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

```
Isolate  Type  SEQ ID   7982                                         8031
GB48     4c             ---------G--G----G-------AA---A--T-CCG----A--A---
GB116    4c             ---------G--G--G----G----AGA--A--T-CCG----A--A---
GB215    4c             ---------G--G----G-------AA--TA--T-CCG----A--A---
GB358    4c             ---------G--G--G----G----AA---A--T-CTG----A--A---
GB809    4e             ----T----G--G----G-------AA--TA-AGCCG----G-----
GB549    4g             -C--C----G--G----G-------AA--TG--ATCCG----A--G--A
BNL8     4k    83       ---------G--G----G------T--AA--TT--T-CCG----A--A-
BNL12    4l    85       ---------G--R----G-------AAAA--A--ATCCG----A----
EG81     4m    87       ----T----G--AG-G---------AA---A--ATCCG----G----
CHR18    5a          CA-TGT--T-GC-G---TG--G--T----A--ACG----A----C-A
VN13     7a    89      -C--A-GT-G---G------GC----A--GACA----CA--G--T--T--C
VN4      7c    91      -C--CC-A--T-----GGTG--A---AA---T--T-CA--T--G--T----
VN12     7d    93      -C--CC-AT-A--T--GGT---A---GAAA---T-CA--T--T--T---
FR1      9a    95      CC--CC-G-----AG-G---------GAAA---A---T----T---
NE98     10a   97      CC----------A-GGA-G-G--TA-GAG--TG--A-CT-A----G---
FR14     11a   99      C----C-AT-GCCTGAAG-G------GAAA---T--A--G--A--
FR15     11a   101     C----C-AT-GCC-GAAG-G------GAA----T--A--G--A--A---
FR19     11a   103     C----C-AT-GCC-GAAG-G------GAA----A--A--G--A--
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

TO6050" 8ET5050

Isolate	Type	SEQ ID	8032		8081
			AGGCTTTATGTGTTGGGGGCCCTCTTACCAATTCAAGGGGGGAGAACTGCGG		
HCV-1	1a		C---------------T--C--G--T------G-A-----C-------		
HCV-J	1b		C---------A-C-----T--C--G--T-------A----C------T--		
BE90	1b		C-------G--CA-C---------Y--A------AA--AC-------		
BNL1	1d	53	C------G--C--C---------C--A--------A----C-------		
BNL2	1d	55	C------G--A-C-----T--C--A--------C----AA--C-------		
FR17	1d	57	------G--C--C-----G--CT-G--------AA-------		
CAM1078	1e	61	------A-C-----T--C--G--A----C----AA--C-------		
FR2	1f	63	C------A------C----------C--A----AA--C-------		
FR16	1g	67	--A----C--G--A--G--CA-GTT---CAGC-A----CC--C-------		
HC-J6	2a		--A----C--A--A--G--CA-G--A---CAGC-AA---CC--C-------		
HC-J8	2b		--A----C--A--A--G--CA-G--A---CAGC-AA---C-ATC-------		
BNL3	2e	69	--A----C--G--A--G--CA-G-TG---CAGC-AA---C-ATC-------		
FR4	2f	71	--A----C--A--A--G--CA-G-TG---CAGC-AA---C--TC-------		
BNL5	2h	73	------G--C--G--A--T--CA-GCAG--CAGC-A----AC--TC-------		
FR13	2k	77	--A--C--C--G--A--T--CA-G--A---CAGC-A----C-ATC-------		
FR18	2l	79	------G--C--G--GA-G-TG---CAGC-AA---CC--TC---T--		
T1	3a		C------CTGC-------A-GTT---CAGC-A----CCC-A--T--		
T9	3b		C------G--CA-C--A--T--CA-GTA---CAGT-A----CTCC-G-------		
PAK64	3g	81	C---------A--T--CA-GTT---CAGC-A----CTC--A-------		

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

```
Isolate  Type  SEQ
               ID    8032                                              8081
GB48     4c          --A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A---A--CCTG--|--|
GB116    4c          --A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC----A--CCTG--|--|
GB215    4c          --A--C---|--G--C--T--CA-GCAT--CAGC----A--CCTG--|--|
GB358    4c          --A--C---|--G--C--T--CA-GCAT--AGC-AA---A--CCTG--|--|
GB809    4e          --A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A---A--CCTG--T--|
GB549    4g          --A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A---A--CCTT--|--|
BNL8     4k    83    --A--C--C--G--C---|--CA-GTA---C--C-A---|--CCTA--|--|
BNL12    4l    85    --A--C--C--G--C---|--CA-GCA---CAGC-A---A--CCTT--T--|
EG81     4m    87    --R--C--CT-G--C---|--CA-GTAT--CAGC-AA---|--CT---|--|
CHR18    5a          --A--C---|--G--C--T--CA-GTTT--CAGC-A---A--CCTA--T--|
VN13     7a    89    C-C--G--CTG---A---|--CA-GTAT--CAGC-A---C-AC-A--T--|
VN4      7c    91    C-AT-G--CTNC--T--T--CA-GTNT--C--T-AA--TC--GCA--T--|
VN12     7d    93    C----G--CTGC--W--G--CA-G-TG--C--CC-T--TC--ATCA--T--|
FR1      9a    95    C----G--CTGC--C---|--CA-GTA---C--TC-A--TC--TCA--T--|
NE98     10a   97    C----|--CTG---|--T--A-GTT---CAGC-A---CC-ACT---T--|
FR14     11a   99    --A--A--C--G--C---|--GA-GGAA--CAGC-A---CC--GCT--|--|
FR15     11a   101   --A--A--C--C--G---|--GA-GGAA--CAGC-AA---CC--GC--|--|
FR19     11a   105   --A--C--G--C---|--GA-GGAA--CAGC-A---CC--GC--|--|
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

```
Isolate   Type  SEQ
                ID
                      8082                                              8131
                      CTATCGCCAGGTGCCGCGGCGGAGCGGCGTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA
HCV-1     1a          T-----C------------------A--T----------G------C--C-----
HCV-J     1b          ----------C-A------------A-------------G------C--C-----
BE90      1b          -----C--TC----------------C-----------G------T--C-----
BNL1      1d          -----TC---------T---------C-----------G------C--C-----
BNL2      1d          -----C--TC----------------C-----------G------C--C-----
FR17      1d          -------------A----T---------C-----------G------C--C---T-
CAM1078   1e          ------------C-A----T-A------CT------------C----C-----
FR2       1f          --C----C-A----T---T-A------C-----------G------C--C-----
FR16      1g          ----------C-------------T------T-G--------T------C-----
HC-J6     2a          G--CA-GC-T------C----G--T-C-----------ATG--G---T-
HC-J8     2b          ---CA-GC-T------A----T--TT-C--C-------ATG--G---T-
BNL3      2e          A--CA-GCAT------C----A--G--C--C-------ATG--G---T-
FR4       2f          A--CA-GC-T------T----A--G--C--C-------TATG--G---T-
BNL5      2h          T--CA-AC-T------C----A--G--C--C-------TATG--G-----
FR13      2k          A--CA-GC-C------C----A--G--C--C-------ATG--G--T-
FR18      2l          A--CA-GC-T--T---C----G--G--C--C-------ATG--G--T-
T1        3a          T-----------C---T--C---T-A--C--GT-C---ATG--C--T-
T9        3b          ------C-C-------C--C----G--C--C-------TC--C-----
PAK64     3g          A----C-T------T----T---T--C--C-------AC-----T-
```

```
Isolate  Type  SEQ      8082                                              8131
               ID
GB48     4c           G-----A--T---A------CTAC--C--C----TC--G-----
GB116    4c           G-----A--T-------T----CTAC--C--C----TC--G-----
GB215    4c           G-----A---------A------CTAC--C--C----TC--G-----
GB358    4c           G-----A---------A------CTAC--C--C----TC--G-----
GB809    4e           G--T--A--------------TAC--C--C----TC--G-----
GB549    4g           GC-A--G------A------CTAC--C--C----TC--G-----
BNL8     4k    83     G---G--A-----G------CTAC--G--C----TC--G-----
BNL12    4l    85     G---G--------A------CTAC--G--C----TC--A-----
EG81     4m    87     --C----------A---GTAC--C--A--T-TC--G-----
CHR18    5a           T---T--A-----C------CTAC--C--C----TC--A-----
VN13     7a    89     A--C--T-----A-G--C--T---CT--C--C----TATG--C--
VN4      7c    91     A--C--T-----A--C--T---CT---C--C-T-CTG-CC---T-
VN12     7d    93     G--C--------G--T--T--G--C--G---TG--C--T-
FR1      9a    95     TC-A---C-A--A--A--A---CT-C--C--A---TG--C--
NE98     10a   97     T--C---C-C--T--T--T--G--AC-CC--C-A---ATG--
FR14     11a   99     A---A-GC-T----A------G----TC--C--A---TC--G-----
FR15     11a   101    A--A-GC-T-----A------G----T-C--A---TG--G-----
FR19     11a   105    A--CA-GC-T----A------G----T-C--A---TG--G-----
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

FIG050. SEQ ID 360

Isolate	Type	SEQ ID	8132 8181
HCV-1	1a		CCCTCACTTGCTACATCAAGGCCCGGGCAGCCTGTCGAGCCGCAGGGCTC
HCV-J	1b		----A--T---T-G-----ACT--G-------T---AA-----------
BE90	1b		---T--A--T---C-A----------TCT----------T--GAA-----
BNL1	1d	53	---G--A----T-G--A--A-G--------T---AA--------------
BNL2	1d	55	-------A----T-G--A---G--------T---AA--------------
FR17	1d	57	------A--T---T-G--A---G--------T--GAA-------------
CAM1078	1e	61	-------C----T----TA----------A---T--CAA----------
FR2	1f	63	-------C--T----A--------A--------T---AA-----------
FR16	1g	67	------A-----C-G--A--GCC--G--------T--GAA---------
HC-J6	2a		--A--A----TG-G--A--TTA--G------AAG--T---A-A
HC-J8	2b		--A-G--A--T-----A--TT---G------AAG--T----A---
BNL3	2e	69	--A--G-------TA--G------TA-G--T------AA-A
FR4	2f	71	--A--G--T--TG-G--A------TA-G--T--AA----AA-A
BNL5	2h	73	--A---A--TG-G--A----TC----T--AA--T--G-CA-T
FR13	2k	77	--T---A--TG-G--A---ATTA--T---CAA--T---CA---
FR18	2l	79	--A---G----T-G--A----G-----A---G--CA-T
T1	3a		--A---G--TG-G--A----AT---T--CA------T---A-T
T9	3b		--AA-----T--------ACA--G--TGCGAAG-------C---
PAK64	3g	81	--AA-A--C--------A-A--G--TGC------T--G--C--T

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
GB48	4c		-A--G--G-----C-----A---TCA--C--TATCAA--G--G----G	
GB116	4c		-A--G--G-----TC----A---TCA--C--TATCA---G--G----G	
GB215	4c		-A--G--G-----TC----A---TCA--C---ATCA-G-GT----G	
GB358	4c		-A--G--G-----C-----A---TCA--C--TATCA---G--G----G	
GB809	4e		-AA--G--G-----C-T----A---TCA-----ATCA-G--T--G----A	
GB549	4g		-TG-A--G--T--TC-------GTT--G--TAC-A-G----T--G	
BNL8	4k		-A--G--G-----C-----A---TCA--T--TAT-A-----G----G	
BNL12	4l		-AG-G--C-----TC-T----A---ACC-----TACCA-G--T---C--A	
EG81	4m		-A--G--C-----C-----A---AC----C--TACCA--G--C--C--G	
CHR18	5a		--A-G--G-----T------T---TTTA--CT---A-----AA	
VN13	7a	89	-T--G--------T-G--A--T-A--G--A--CA-----T--C----G	
VN4	7c	91	----A--A-----TT-G--A--A-AA----G--A--G--A--AA	
VN12	7d	93	--A-G--A-----C-G----T-A--G--T--A-G--A--RAA--	
FR1	9a	95	--A--A----T-C-G----AACC--C--T--C----A--C--CT--T	
NE98	10a	97	-AA---C-T-----A-----A---AAA-----TACCAA--T--C--AA--T	
FR14	11a	99	--A-G--------T-------A---TAAA--G--T--AA-----T--CA--T	
FR15	11a	101	--A-G--------T-------A------AAR----T--AA---Y--T--CA--T	
FR19	11a	105	--A-G--------T-------A---AA----G--T--AA-----T--CA--T	

```
Isolate   Type  SEQ                8182                                              8231
                ID    CAGGACTGCACCATGCTCGTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA
HCV-1     1a          ----------------------AAC--A---C--T--------------------
HCV-J     1b          ------------G---------------------C--T-----------------
BE90      1b          ------------G------------C--G----------C--T------------
BNL1      1d    53    -G-----------------C--G--T------C--T-------------------
BNL2      1d    55    -------------------C--A----------C--T------------------
FR17      1d    57    -----------A-------C--A----------C--T------------------
CAM1078   1e    61    --------------------C----------C--G------C-------------
FR2       1f    63    ---T--T-A----------C----------C--G--C------------------
FR16      1g    67    -G--A---A----------C----------C--T------C-------------
HC-J6     2a          ATT-CGCC--A-----G-A--C------T----G--C-----CA----------
HC-J8     2b          GT---CCTGTT---T-G------A------C--G---------CA----------
BNL3      2e    69    GT--C-CC----G---C-------T----C--T--C------CA----------
FR4       2f    71    GTT-C-CC---G----G-------T----C--G--T------CA----------
BNL5      2h    73    GTT-CTCC----G---G--T--------TC-G--A-C-----CA----------
FR13      2k    77    GTT-CACC---A----G--------------C--G--------CA----------
FR18      2l    79    G-C-C-CC---A--T-G-A--------C-G--G----------CA----------
T1        3a          -G-A--CCGGA-T-T--C--C----A--T--TC-G-------AG-GGC------
T9        3b          A-A---CCAT-TT-C--T--C----C-A---T----G--G--A-C---------
PAK64     3g    81    --A---CCAT-AT-C--T--C----C-A---T--T--G--G--AG-GGC-----
```

Isolate	Type	SEQ ID	Sequence (8182 → 8231)
GB48	4c		AGA-----------T-G--C---T----T--C-G--T--C----GC---
GB116	4c		AGA-----------T-G--C---T----T--C-G--C----TGC---
GB215	4c		AGA----T-----G--C-A---T----T--C-G--C----TGCC---
GB358	4c		AGA-----------T-G--C---T----T--C-G--C----GC---
GB809	4e		A---T-------G--C---T---G--T----C--G--GCC---
GB549	4g		A-A-GT---G----G--T---A--------G--GCC---
BNL8	4k	83	AGA-----------G--C---T----------C----C---
BNL12	4l	85	A-A-----------G--T---C-T----G----GC---
EG81	4m	87	A----T---A----G--T---C-T----G----GCC---
CHR18	5a		--------GC-C--G---T---T--TC-T--G-CC----GCA---
VN13	7a	89	A-----TTGA----T-G--C--C-A-------T--C---
VN4	7c	91	A-AA---ATGA---T-A--C--C-A----C-T----T-CG---
VN12	7d	93	A-AA---TTGA---T-G--C--C-A----TC----GCG---
FR1	9a	95	ACA--T-ATGA---T-G--C--C-A-----C----TGC---
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C--T--C--C-A----T--CG-AAC---
FR14	11a	99	GTA----CCGGTG---------C---T----G--TGC---
FR15	11a	101	GTT----CCGGTG--------C-------G--C----CA---
FR19	11a	105	GTT----CCAGTG--------C-------G--C----CA---

Isolate	Type	SEQ ID	Sequence (8232 ... 8271)
HCV-1	1a		AAGCGCGGGGGGTCCAGGAGGACGCGGGCGAGCCTGAGAGCC
HCV-J	1b		G---T-----AAC------------T-----GC---AC-----
BE90	1b		-----------AAC---A------------------AC---T-
BNL1	1d	53	G---T------A---G---A----------A---AC-----T
BNL2	1d	55	G------A---G---------------------A---AC---T-
FR17	1d	57	G---T-R--A---G-------T---------A---AC---T-
CAM1078	1e	61	G---T-TA---AC--------T---------A---AC---T-
FR2	1f	63	G-T---A----N---N-----TC---T----------C-----
FR16	1g	67	G---T---------------T---T-A---------------
HC-J6	2a		G---CA---AC-G------A-CG--A---------------
HC-J8	2b		G---CAA--TAA-G-----A-CGA-A--------------T
BNL3	2e	69	G---TCA---A---G----ACCG--A---------------
FR4	2f	71	G---TCA---CTG------A-CGA-A------------T--
BNL5	2h	73	G---TCA--AAC-G-----T-A-CG--A---------T--
FR13	2k	77	G---TCA--ACTG-AG---A-AAC-A---------C-T
FR18	2l	79	G---TCA---AC-G-----A-CGA-AT--------T--
T1	3a		G---AT-C---G-T-----TAGA-AGC---------------
T9	3b		----TGC--C---G-----AGA-AGCT---C-----------
PAK64	3g	81	G--TTGC-KC--TG-T----G-ATAG-GCAGC

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

F06050.SET1996D

Isolate	Type	SEQ ID	8232		8271
GB48	4c		G---AT--C---AG---------	AAACGACC---CG	------
GB116	4c		----AT--C---AG---------	AAACGAGC---CG	------
GB215	4c		G---AT--C---AG---------	AAACGAGC---CG	---T--
GB358	4c		G---AT--C--TG---------	AAACGAGC---CG	------
GB809	4e		G---GT--C--TG---------	AAACGANC---CG	---T--
GB549	4g		G---GC--C---AG---------	T--AAGAGC---CC	------
BNL8	4k	83	G---AT--C---AG---------	TAACCGAGC---CCN	------
BNL12	4l	85	G---A---C---AG---------	TT-CCAACC---CC	------
EG81	4m	87	G---AT--C--GG-C-------	CGCCGAGC---CCA	---T--
CHR18	5a		G---CA-----ACG--C------	TAAA--	------
VN13	7a	89	G---TTT-----TC---------	A-TAGTGCA---C	---T--
VN4	7c	91	G--T-GA-A---TCT-------	T-TT-ACGC---C	---A--
VN12	7d	93	G---GA-A---CT---------	T--C-G-GC---C	---T--
FR1	9a	95	G--T-T-A--A-C---------	TATC--T-A---C	------
NE98	10a	97	G--T-A--G-T---------	AA-AGCGC-T---C	---T--
FR14	11a	99	----AA-----GG---------	CA-CG-GA---AC	---T--
FR15	11a	101	G--AA-----AG---------	CA-CGAGA---AC	------
FR19	11a	105	----AA-----GG---------	CAACGAGA---AC	--NT--

Figure 6. NS5B amino acid alignment

```
Isolate   Type  SEQ
                ID
                      2645                                        2694
HCV-1     1a          STVTESDIRTEEAIYQCCDLDPQARVAIKSLTERLYVGGPLTNSRGENCG
HCV-J     1b          ------N-------S-----A-E--Q--R----------------K-Q----
2TY4      1c          ----------------H-D--A---N--------------------K------
BNL1      1d    54    ----N---V--S-----A-E--K-------I-X-------K-Q----
BNL2      1d    56    ----N------XS-----AXE--K--------------------K-Q----
FR17      1d    58    ----N---V--S-----A-E--K-------I---------K-Q----
CAM1078   1e    62    ----A-------S-----H-E-------------I------K------
FR2       1f    64    ------------S-----E-K--R--------------------K------
FR16      1g    68    XX------V-XS-----A-E----------------I----K-Q----
HC-J6     2a          ------R-----S--RA-S-PEE-HT--H--------------K-Q----
HC-J8     2b          ------R-----S--A-S-PQE--TV-H-----MF--K-QT----
ARG8      2c          -------------S-S-PEE---T--H-----M---K-QS----
NE92      2d          ------R-----S--LA-S-PE---T--H-----M---K-QS----
BNL3      2e    70    ------R---X--S--A-S-PE---T--H-----ML--K-QT----
FR4       2f    72    ------R-----S--LA-S-PE---T--H-----MM--K-QS----
BNL5      2h    74    ---A-R-----S--LA-S-PE---T--H-----MM--K-QS----
FR13      2k    78    ------R---V-SV-LS-S-PEE--A--H-----MM--K-QS----
FR18      2l    80    ------R---N--S-FLA-S-PEE--TV-H----MQ--K-QS----
BR34      3a          ---------------------------------I---MM--K-QS----
BR36      3a          ---------H-----E-----E--E--K--SA--C---MF--K-AQ----
BR33      3a          ------------------E-----E--E--K--R----C---MF--K-AQ----
T9        3b          ------------------E-----E--E--R-------C---MF--K-AQ----
PAK64     3g    82    ----Q---V--E----------------------I---MY--K-LQ----
                                                             MF--K-LK----
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

```
FIGURE 6C0 continued

GB48        4c   -----K-----V--EV-------E-E--K--TA-----------MH--K-DL---
GB116       4c   -----K-----V--EV-------E-E--R--TA-----------MH-----DL---
GB215       4c   -----K-----V--EV-------E-E--R--TA-----------MH--K-DL---
GB358       4c   -----K-----V--EV-------E-E--K--KV-TA--------MH--K-DL---
GB809       4e   -----R--KV--EV-------E-E--K--TA-------------MH--K-DL---
CAMG22      4f   -----R--V--EV-------E-ET-KV-SA--------------MH--K-DL---
GB549       4g   -----R-------E-------E-E--KV-SA-------------MH-----DL---
GB438       4h   -----R--V--E-------E-E--KV-SA-----------MY--K-DL---
CAR4/12054i 4j   P-----R-X-V--EV-------N-EXDX-KV-NA-----K---MY--K-DL---
CAR1/501    4j   ---X-R-------GEV-------E-E--KV-TA-----------MH--K-DL---
EG13        4?   V-------V-------N-E--E--K--TA-----------MF--K-DL---
BNL8        4k  84  -----K-----P--EV-------E-E--KV-TA-----------MH--K-DL---
BNL12       4l  86  -----K-----V--E-------X-E--K--SA--X--L--MY--K--L---
EG81        4m  88  -----R-----V--EV-------E-E--K--SA-----------MF--K-DL---
BE95        5a   ---H--M---S---Q-E--A--R----Q---C--MY--K-QQ---
CHR18       5a  90  ---H--M---S--SLY-Q-E---R----Q---C--MY--K-QQ---
VN13        7a   ---R-VQ--HD---K-E-A--T--T--D--X--MX--K-QA---
VN4         7c  92  ---R--X--HD---Q--V--K--T-----CX--MM---QS---
VN12        7d  94  -S---R-----HD---Q--V--K--T-----C--MY---QS---
FR1         9a  96  ---GR-----XD--LS-Q---E--K-----------MY--K-QL---
NE98        9a  98  ---Q---V-LS-F-A--KDE-RV-T-----C--MF--K-QH---
FR14        10a 100 ---R-------S--LS-Q-PEE--K-----------MF--K-QA---
FR15        11a 102 ---R-------S-XXA-Q-PEE--K-----------ME--K-QA---
FR19        11a 106 ---R-------SX-LA-Q-PEE--K-----------ME--K-QA---
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

```
                                        2695                                              2744
Isolate   Type  SEQ ID  YRRCRASGVLTTSCGNTLTCYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDLVVICE

HCV-1     1a            ------------------L--T------K---N------------------
HCV-J     1b            ---------------------L--------R--------------------
2TY4      1c            ------------------------L---K-R--------------------
BNL1      1d    54      ---------------------L------K---------------------
BNL2      1d    56      ---------------------L------K---------------------
FR11      1d    58      ---------------------L------K---------------------
CAM1078   1e    62      ------------------L--------L--------------------
FR2       1f    64      ----------------------------K---S---------------S--
FR16      1g    68      ----------------L--A--------K--RE------------------
HC-J6     2a            --------F---M---I---V--L---K---IIAP---------------S-
HC-J8     2b            --------F---M---I---V--L---K---IV-PV--------------S-
ARG8      2c            --------A---M-----V-----N---IVAP-------------------
NE92      2d    •       --------F---M---I---V--Q---K---IIAP---------------S-
BNL3      2e    70      ----H-------M---I---L--L---K---IVAP---------------S-
FR4       2f    72      --------M---I---V--L---K---IVAP-------------------S-
BNL5      2h    74      --------M---I---V--L---K---IVAP-------------------S-
FR13      2k    78      --------M---I---V--L---K---IVAP---------------I-S--
FR18      2l    80      --------M---L---Q---------IVAP--------------------S-
BR34      3a            --------F---M---I---V--M---IDAP-------------------S-
BR36      3a            --------P---F---I---T--A---RNPDF------------------VA-
BR33      3a            --------P---F---I---T--AK--RSPDF------------------VA-
T9        3b            --------P---F---I---T--AK--RNPDF------------------VA-
PAK64     3g    82      --------P---F---I---K--S---K-PSF------------------VS-
                        --------P---Y---I------A---PSF-------------------VA-
```

FR96050.857F5950

GB48	4c		---Y--F------L--S--IK----R--------A-
GB116	4c		---Y--F------L--S--I-----R--------A-
GB215	4c		---Y--F------L--S--I----S--R---Y--A-
GB358	4c		---Y--F------L--S--I-----R--------A-
GB809	4e		---Y--M--L--S--I-----K--------A-
CAMG22	4f		---Y--F----FL--T--TK----K--------A-
GB549	4g	Q----Y--F--V--L--V--T----K-----------
GB438	4h	L----Y--F--V--L--V--T----T----KG-S-----
CAR4/1205	4i	I----Y--F------L--T--T----T----K--------A-
CAR1/501	4j	Q----Y--F------L--T--T----T----K--------A-
EG13	4?		---F--F------L--T--I----R----------S-
BNL8	4k		---Y--F------L--S--I-----R--------A-
BNL12	4l		---Y--F--V--L--T--T----K--------A-
EG81	4m		---Y--F------L--T--T----K--------A-
BE95	5a		---F--M--M--L--S----R-R--L--------A-
CHR18	5a		---F--M--M--L--S----K----L--------A-
VN13	7a		---ILA--L--Q----------------------S-
VN4	7c		---L--L--Q------K-FD---------------
VN12	7d		---F--L--M--L--Q-----K-KNYD-------A-
FR1	9a	Q----P--M--I--FL--T----XK-KNFD-----A-
NE98	10a		---P--E--I----K--T----FT-YD-----VT-
FR14	11a		---F--L--M----K--TK---IKNPSF------A-
FR15	11a		---F--L--M----K--K----IV-PV-------S-
FR19	11a		---F--L--M----X--KX---IV-PV-------S-
			---F--L--M----K--K----IV-PV-------S-

84
86
88
90
92
94
96
98
100
102
106

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
			SAGVQEDAASLRA	
HCV-1	1a		SAGVQEDAASLRA	
HCV-J	1b		---T-----A---	
BE90	1b		---T------V	
BNL1	1d	54	----E---N---	
BNL2	1d	56	----E---N--V	
FR17	1d	58	-X--E---N--V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX--PS	
FR16	1g	68	---------	
HC-J6	2a		-Q--TE--ERN---	
HC-J8	2b		-Q--NE--ERN---	
NE92	2d		-Q--TE--ERN---	
BNL3	2e	70	-Q--E--DRN-	
FR4	2f	72	-Q--AE--ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q--TE--ERN--V	
FR13	2k	78	-Q--TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q--TE--ERN--V	
BR34	3a		-	
BR36	3a		-	
BR33	3a		-	
T9	3b		--C--E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

GB48	4c		-D--E--KRP-G-
GB116	4c		-D--E--KRA-G-
GB215	4c		-D--E--KRA-GV
GB358	4c		-D--E--KRA-G-
GB809	4e		-G--E--KRX-G-
CAMG22	4f		-D--E--RRA-G-
GB549	4g		-G--E---RA---
GB438	4h		-G--E---RA---
CAR4/12054i	4i		-I--ID--KQA--T
CAR1/501	4j		---E--PXTX-P
BNL8	4k	84	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	86	-E--E--SQP---
EG81	4m	88	-D--D--RRA-Q-
BE95	5a		---Q-TH--E---
CHR18	5a		---Q-TH--K---
VN13	7a	90	-L--S--TSA---
VN4	7c	92	-G--S--VDA---
VN12	7d	94	-G--P--GA--V
FR1	9a	96	---N--I-N---
NE98	10a	98	---ID--KSA---
FR14	11a	100	-K--E--QRD--V
FR15	11a	102	-K--E--QRD--
FR19	11a	106	-K--E--QRD---